

Treball de Fi de Grau

**Grau en Enginyeria en
Tecnologies Industrials**

**Modelització d'epidèmies.
Anàlisi i aportacions al cas de la COVID-19.**

MEMÒRIA

Autor: Bruno Rodés i Garcia
Director: Pere Grima Cintas
Convocatòria: Juny 2020



Escola Tècnica Superior
d'Enginyeria Industrial de Barcelona



Resum

L'objectiu del treball és crear un simulador d'epidèmies amb Python, que permeti predir l'evolució i la magnitud de la COVID-19, visualitzant els resultats en gràfics. Primer, s'han estudiat els models utilitzats en les pandèmies més recents i les diferents eines que hi ha per a caracteritzar-les. Posteriorment, amb l'ajuda d'estudis i articles publicats sobre les característiques de la COVID-19, s'ha proposat un model matemàtic que permeti descriure aquesta pandèmia.

S'ha fet un calibratge dels paràmetres del model proposat anteriorment per al cas de Catalunya. Per fer això, atès que no hi havia suficients dades sobre la pandèmia en l'esmentat territori, alguns dels paràmetres s'han calibrat utilitzant estudis i altres amb les dades publicades pel Departament de Salut. Amb la finalitat de trobar els valors que representaven millor l'evolució de la pandèmia, per fer aquest calibratge s'han emprat tècniques iteratives.

Un cop s'ha trobat el valor per als diferents paràmetres, s'ha pogut iniciar la simulació i s'ha vist que només un 6,4% dels individus de Catalunya ha superat la malaltia. També s'ha pogut veure i quantificar la disminució de la taxa de transmissió, un cop va començar la quarantena.

Posteriorment, s'han plantejat diferents escenaris per tal de visualitzar com hauria evolucionat la pandèmia en el cas que la quarantena s'hagués declarat una setmana abans -en aquest cas, s'estima que no s'hauria arribat a les mil defuncions- o si s'hagués declarat una setmana després -en aquest supòsit es creu que el 50% de la població de Catalunya hauria estat infectada-.

Per últim, s'ha estudiat si, amb les dades publicades pel Departament de Salut durant els primers dies del brot, és possible calibrar els diferents paràmetres i visualitzar l'evolució de la pandèmia. S'ha constatat que això no era possible, però que ho podia haver estat si les dades publicades referents al nombre d'infectats diaris haguessin estat les correctes.

Paraules claus: Epidemiologia, COVID-19, model, SIR, SEIR, SEIIRM, Python, simulador, Catalunya.

Sumari

SUMARI	5
1. PREFACI	7
1.1. Origen del projecte	7
1.2. Motivació	8
2. INTRODUCCIÓ	9
2.1. Objectius del projecte	9
2.2. Abast del projecte	10
3. CLASSIFICACIÓ I CARACTERITZACIÓ DE LES EPIDÈMIES	11
3.1. Brot, epidèmia o pandèmia	11
3.2. Classificació de les epidèmies.....	11
3.3. Paràmetres per a descriure una epidèmia	13
4. MODELS EPIDEMIOLÒGICS	15
4.1. Model SI	16
4.2. Model SIS	17
4.3. Model SIR.....	18
4.4. Model SEIR	19
5. SIMULADORS ACTUALS	21
5.1. Simuladors visuals.....	21
5.1.1. The Washington Post [15].....	21
5.1.2. Simulador SCRATCH [16].....	22
5.2. Simuladors matemàtics	23
5.2.1. Gabriel Goh, Epidemic Calculator [17]	23
5.2.2. Alison Hill, Modeling COVID-19 Spread [18]	23
6. MODELITZACIÓ DE LA COVID-19	25
6.1. Breu introducció.....	25
6.2. Definició del model	26
6.2.1. Particularització del model	27
6.2.2. Sistema d'equacions diferencials	29
6.2.3. Simplificacions considerades	30
6.3. Codi implementat	32

7. APLICACIÓ A CATALUNYA	37
7.1. Calibrat dels paràmetres	38
7.1.1. Temps mitjà d'incubació	38
7.1.2. Temps mitjà d'infecció	39
7.1.3. Temps mitjà des dels primers símptomes fins la mort	39
7.1.4. Taxa de letalitat μ	40
7.1.5. Percentatge d'individus asimptomàtics Θ	41
7.1.6. β_0 , β_1 i nombre d'infectats inicials	42
7.2. Comentaris sobre els resultats obtinguts	50
7.3. Comprovació del model	53
7.4. Què hauria passat si...?	58
7.4.1. La quarantena s'hagués declarat una setmana més tard	58
7.4.2. La quarantena s'hagués declarat una setmana abans	60
CONCLUSIONS	63
BIBLIOGRAFIA	67
Referències bibliogràfiques	67
Bibliografia complementària	69

1. Prefaci

1.1. Origen del projecte

Aquest projecte neix de la impossibilitat de realitzar-ne un altre degut a la situació provocada per la COVID-19. La meva primera intenció era fer un treball basat en l'experiència com a estudiant en pràctiques en una empresa consultora en tema de logística i big data. Però degut a la pandèmia, el projecte en el qual havia de desenvolupar el meu treball de fi d'estudis es va aturar. Això va fer que hagués de buscar un altre tema, ja que no hi havia possibilitat d'obtenir la informació necessària per a elaborar l'anterior.

En aquestes circumstàncies i donat l'interès i l'actualitat del tema, vaig decidir que podria ser molt interessant realitzar el meu treball entorn de la pandèmia actual. D'aquesta manera, estaria més informat sobre el tema i podria intentar aportar alguna eina en el cas que hi hagués un possible rebrot o una malaltia amb característiques semblants.

Un cop tenia clar que el treball estaria enfocat a estudiar la COVID-19, em faltava acabar d'acotar en quin àmbit centraria el meu treball. Va ser en aquest moment quan vaig descobrir, a partir d'un article, l'existència de diferents simuladors destinats a preveure possibles escenaris de la malaltia. En un principi, els simuladors que vaig trobar eren molt bàsics i no es sustentaven en cap model matemàtic, simplement eren animacions on es representaven els contactes que tenien els individus i l'evolució dels infectats, però a mesura que la pandèmia anava guanyant interès arreu del món, aquests simuladors es van anar fent més i més complexos i precisos.

Alhora es van començar a publicar estudis realitzats a les universitats més importants del món i totes elles feien estimacions diferents, no hi havia cap estudi que coincidís en la previsió del nombre d'infectats que existia o en l'evolució que seguiria la pandèmia. També es van començar a publicar models innovadors que tenien en compte factors com els desplaçaments entre països o l'estacionalitat del virus; cada cop s'anaven fent més complexos, però les estimacions seguien sense coincidir.

Tot això em va intrigar i vaig pensar que seria interessant fer un estudi semblant en aquest treball. Això em serviria per poder llegir amb detall tots els estudis que s'havien anat publicant i així detectar-ne possibles errors i proposar-hi millores. Tenia clar que les dades de les quals disposaria a l'hora de fer el meu estudi serien moltes menys que les que estaven utilitzant aquestes universitats i, per tant, havia d'intentar fer un model més senzill que els que s'estaven proposant, però que, tot i així, representés correctament la pandèmia.

1.2. Motivació

Qui no sent curiositat per un tema quan les 24 hores del dia se'n parla reiteradament, quan al principi ningú s'esperava que tingués aquesta evolució i quan ha canviat la normalitat que coneixíem per complet? Qui pensava que al 2020 un virus podria causar tant de mal al món, que causaria possiblement la crisi més gran que s'ha viscut en molts anys i que faria canviar la manera de pensar i viure de tanta gent? Aquesta malaltia ens ha demostrat que no estem tan preparats com pensàvem: que no tenim les cures de totes les malalties, que els recursos mèdics són limitats i que no tenim les eines per a calcular la magnitud real d'una epidèmia. Si haguéssim tingut assegurades alguna d'aquestes tres coses, el virus no hauria fet el mal que ha fet. Si s'hagués tingut una vacuna per aturar l'expansió de la pandèmia o si els sanitaris haguessin tingut els recursos per poder tractar correctament a tots els infectats, segurament no hauria fet aquest treball, ja que la pandèmia no hauria tingut les dimensions que ha acabat tenint.

De les tres evidències anteriors, segurament és la tercera, la de disposar d'una eina de càlcul eficient, la que més costa d'entendre quant a la seva influència a l'hora d'evitar una desgràcia, però imaginem el cas que s'aconseguís estudiar perfectament l'evolució de les epidèmies, que es tinguessin models molt precisos per a calcular-ne els efectes i també per preveure'n l'expansió. Això faria que tan bon punt es donés el primer cas de contagi, les autoritats sabrien la manera exacta d'actuar i, en conseqüència, evitarien l'expansió del virus abans que fos massa tard.

És per això que he volgut posar el meu gra de sorra en aquest tema i investigar com s'estudien actualment les epidèmies i quines eines s'utilitzen a l'hora de prendre les decisions, quines qüestions s'han realitzat erròniament i quines es poden fer millor, per així estar preparats en cas que hi hagi un rebrot o una altra pandèmia amb característiques similars. Al mateix temps, vull mostrar la importància dels models matemàtics i de la ciència en general a l'hora de prendre decisions.

Durant aquest temps hem vist que els països que han confiat en els científics han aconseguit aturar la pandèmia amb èxit i, per tant, m'interessa deixar constància de la importància de la ciència. La meva intenció és apropar certes eines matemàtiques, com poden ser les equacions diferencials, a la població i que aquesta sigui capaç de poder treballar i fer diferents prediccions amb elles.

2. Introducció

2.1. Objectius del projecte

Els objectius d'aquest treball són els següents: en un primer moment es vol establir un model que permeti explicar l'evolució de la COVID-19, tant pel que fa al nombre d'infectats com del de morts. Posteriorment, es vol trobar el valor dels diferents paràmetres que apareixen en el model, per al cas de Catalunya; a aquest pas se'l coneix com a calibrat. Un cop estigui el model definit, es vol implementar aquest mitjançant Python i que aquest programa proporcioni diferents gràfiques que ens permetin estudiar les diferents qüestions que s'han comentat. Un cop s'hagi fet tot això, es tindrà la pandèmia totalment descrita i es podran plantejar diferents escenaris que ens permetin veure com hauria estat l'evolució de la pandèmia en altres situacions.

Naturalment, per assolir aquests objectius es necessari començar fent un estudi sobre la dinàmica de les epidèmies, els paràmetres utilitzats per caracteritzar-les i entendre els models que s'utilitzen actualment per estudiar-les. Tot això s'anirà explicant al treball per tal que el lector pugui entendre els capítols posteriors.

L'últim objectiu d'aquest treball es poder mostrar la importància de disposar de models matemàtics a l'hora de prendre les decisions. Es vol conscienciar a la gent de la informació que es pot extreure a partir de certes dades i la manera d'aconseguir això es mostrant com es podria haver previst l'evolució d'aquesta malaltia i com es podria haver aturat la seva expansió de manera més ràpida i eficaç.

S'ha pensat que la millor manera de fer això és proporcionant un simulador, implementat amb un model matemàtic, on, variant certs paràmetres, mostri l'evolució d'aquesta pandèmia. D'aquesta manera s'estan ensenyant els resultats obtinguts amb aquest model matemàtic a la població i s'està permeten a aquests individus que facin suposicions amb ell de manera senzilla i sense necessitat de ser un expert en equacions diferencials.

És per això que aquest projecte es centra en la creació d'un simulador de la propagació d'una epidèmia, amb l'objectiu que gent no experta pugui estudiar quina és la manera més idònia d'aturar la seva expansió i pugui entendre la magnitud d'aquesta.

2.2. Abast del projecte

En aquest projecte es pretén fer una primera aproximació a un simulador d'una pandèmia. No s'espera que aquest simulador pugui aportar resultats suficientment precisos per a utilitzar-lo en un àmbit més professional. Per tal de poder fer això, seria necessari disposar d'un model més acurat, format per més paràmetres i equacions i, per tant, caldria disposar de més dades sobre la pandèmia.

El contingut del projecte està organitzat de la manera següent:

En primer lloc, s'estudiaran els models més comuns, sense entrar-hi en molt detall i sense dedicar molt de temps a explicar el seu funcionament. La raó és que, en aquest punt, l'únic que es vol és conèixer les principals característiques d'aquests models, així com les diferències que mostren els uns i els altres. Es mencionaran les equacions que regeixen en cada model, però no es dedicarà temps a explicar la resolució analítica per a cadascun d'ells, ja que no hi ha intenció d'enfocar aquest treball cap a un àmbit matemàtic.

Un cop explicats i entesos aquests models, el treball es centrarà en la pandèmia COVID-19. S'ha pres aquesta decisió, perquè els models i simuladors més innovadors i complexos que hi ha avui en dia intenten representar aquesta malaltia. A més, centrar-nos en una única epidèmia facilitarà la comparació entre els diferents simuladors que existeixen. El primer que es farà és revisar els simuladors i models que s'utilitzen actualment per descriure aquesta pandèmia, per tal de, posteriorment, acabar definint un nou model amb les característiques que es creguin necessàries. Com s'ha comentat, aquest model no pretén ser molt innovador degut a les dificultats que hi hauria posteriorment per a calibrar-lo. Per tant, s'ha decidit intentar fer el model més simple possible, però que doni resultats rigorosos, que descrigui la pandèmia correctament.

Un cop el model estigui determinat, serà l'hora de calibrar cadascun dels paràmetres que hi apareixen. Degut a la falta de dades i informació, aquest calibrat es realitzarà només a Catalunya, tot i que, en un futur, es podria calibrar per a un altre territori.

Quan tot això estigui definit, només restarà implementar el model matemàtic amb Python per tal de poder calcular i mostrar els resultats obtinguts.

Per últim, es farà unes hipòtesis plantejant diferents escenaris per veure com hauria canviat l'evolució de la pandèmia.

3. Classificació i caracterització de les epidèmies

Malaltia infecciosa accidental i transitòria, que es difon a un gran nombre de persones d'un territori o regió determinats.

La cita anterior és la definició obtinguda de la Gran Enciclopèdia Catalana [1] de la paraula epidèmia. És una molt bona presa de contacte amb el concepte, però cal detallar més aquesta definició per poder entendre millor els capítols posteriors.

3.1. Brot, epidèmia o pandèmia

Per continuar endinsant-nos en el tema, és molt útil explicar les diferències entre aquests tres conceptes, sovint emprats erròniament.

Aquests tres termes s'utilitzen en casos diferents en funció principalment del grau d'expansió de la malaltia. Primerament, s'anomena brot quan la malaltia afecta a un lloc específic i en un moment determinat, un exemple en podria ser el xarampió. Al següent nivell d'expansió se l'anomena epidèmia i es produeix quan un brot es descontrola i es propaga de manera ràpida i exponencial i, a més, es manté en el temps. Per últim, parlem d'una pandèmia quan es compleixen dos requisits: que el brot afecti a més d'un continent i que els casos que hi hagi a cada país no siguin importats, sinó que els contagis hagin estat interns. Un exemple recent de pandèmia és la COVID-19.

3.2. Classificació de les epidèmies

Existeixen factors diferencials entre les epidèmies que fan que no es puguin estudiar totes de la mateixa manera. A l'hora de descriure una epidèmia, els factors diferencials més importants són el mode de transmissió, els agents infecciosos i els estats pels quals pot passar un individu durant la malaltia.

Pel que fa al mode de transmissió, les epidèmies es poden classificar en tres grups. En el primer trobem les malalties que es transmeten a través del medi ambient la més coneguda el còlera, que es contagia a través de l'aigua. En un segon grup hi ha el contagi a través d'agents, normalment insectes que transmeten la malaltia a altres humans com ara el dengue, la febre groga o la malària. Per últim, tenim la transmissió entre persones, com la COVID-19.

Respecte dels agents infecciosos, els més comuns són els virus i les bacteries, però en podem trobar de molts altres com per exemple els fongs.

Per últim, i el més important pel que fa al tema d'estudi del treball, cal considerar els estats pels quals passen els individus un cop han estat infectats. Conèixer la mobilitat dels contagiats entre els diferents estats és molt important a l'hora de modelar l'epidèmia, ja que sovint, per facilitar-ne el seu estudi s'utilitzen uns mètodes epidemiològics que s'anomenen compartimentals. Com bé indica el seu nom, aquests es basen en dividir la població en diferents grups en funció del seu estat de salut, assumint que la població de cadascun d'aquests grups té les mateixes característiques. Per tant, en funció dels estats pels quals passen els individus durant la malaltia, hi haurà uns grups o uns altres. La complexitat dels models i el nombre d'equacions a utilitzar dependrà del nombre de grups que s'utilitzin en cada model.

Els grups, o estats, s'acostumen a representar amb una lletra i els més utilitzats són els següents:

- **M**, representa als infants amb immunitat passiva. Aquesta immunitat l'adquireixen els nadons gràcies als anticossos de la Mare. Un cop els infants perden aquesta immunitat, degut a la desaparició dels anticossos, passen al següent grup.
- **S**, representa als individus Susceptibles, aquells que poden resultar infectats en estar en contacte amb la malaltia. Si s'infecten, passaran al següent grup.
- **E** (Exposats), representa als individus que han estat infectats però que es troben en el període d'incubació. Per tant, encara no mostren símptomes ni són capaços d'infectar a individus del grup S (susceptibles). Passat aquest període d'incubació passaran a formar part del grup següent.
- **I**, representa als individus Infectats que a més de tenir símptomes, poden transmetre la malaltia als individus del grup S.
- **R**, representa als individus Recuperats, malgrat el nom, en aquest grup també s'inclouen els individus que han mort degut a la malaltia mateixa.

3.3. Paràmetres per a descriure una epidèmia

Per fer aquests models compartimentals s'utilitzen un seguit de paràmetres que, en funció de la malaltia a estudiar, tindran un valor o un altre. Aquests paràmetres descriuen les diferents característiques de la pandèmia; per tant, es pot intuir que són molt interessants, ja que ens permeten entendre les dimensions i l'evolució de la pandèmia que estem estudiant.

Els paràmetres més utilitzats són:

- Taxa de transmissió: β , és el producte de la taxa de contacte i el risc d'infecció. També es coneix com a taxa de contacte efectiu.
- Taxa de contacte: És la probabilitat que un individu infectat tingui contacte amb un de susceptible. Normalment s'expressa en nombre de contactes per unitat de temps.
- Risc d'infecció: És la probabilitat, en tant per u, que la infecció sigui transmesa al individu susceptible quan hagi estat en contacte amb un individu infectat.
- Taxa de recuperació: γ , la inversa d'aquesta és la durada mitjana de la infecció de la malaltia. Normalment s'utilitzen els dies com a unitat de temps.
- Període latent: Temps que passa des que l'individu s'infecta fins que és capaç d'infectar. Per tant, es pot entendre com el temps que estarà l'individu dins el grup d'Exposats abans de passar al d'Infectats.
- Període d'incubació: Temps que transcorre des que l'individu s'infecta fins que apareixen els primers símptomes.
- Número reproductiu bàsic: R_0 , també anomenat velocitat de propagació del virus, és el paràmetre més utilitzat per a descriure epidèmies, ja que resumeix molts dels paràmetres descrits anteriorment. Es defineix com el nombre mitjà d'infeccions causades per un individu infectat. Com es pot intuir, això té molta importància a l'hora d'estudiar les epidèmies, ja que indica si la malaltia està desapareixent ($R_0 < 1$), si s'està expandint ($R_0 > 1$) o si és endèmica ($R_0 = 1$) i, per tant, es manté constant en el temps.
- Número de reproducció efectiva: $R_e = R_0 \frac{S}{N}$, és el nombre de persones infectades per un únic cas, tenint present que no tota la població és susceptible. Sovint aquest valor és més important que el Número reproductiu bàsic, ja que es pot donar el cas que no quedin individus susceptibles degut a que tota la població hagi superat la malaltia i,

per tant, encara que el R_0 sigui elevat, la pandèmia no s'expandirà. Per aturar l'epidèmia, aquest valor ha de ser $R_e < 1$.

Hi ha diferents estratègies per tal d'aturar la propagació del virus, una d'elles és disminuir el número reproductiu bàsic (R_0), això es pot aconseguir fent baixar la taxa de transmissió amb accions, com per exemple tancar escoles. Una altra estratègia per a aturar la propagació de la malaltia és disminuint el número de reproducció efectiva (R_e), per aconseguir-ho el que s'ha de fer és reduir el nombre d'individus susceptibles, per exemple utilitzant vacunes.

4. Models epidemiològics

Un cop feta la introducció, es farà una breu explicació dels principals models epidemiològics existents avui en dia. Aquests models s'utilitzen per tal de poder tenir una idea i poder explicar el progrés i comportament de les malalties. Poden arribar a ser molt útils ja que ajuden a decidir quins plans de prevenció cal implementar per a evitar una gran catàstrofe.

Tot i això, no s'ha d'oblidar que aquests models són representacions simplifiades de la realitat i que aconseguixen representar la realitat bastant-se en les dades que es tenen disponibles. Per tant, com en la majoria d'aspectes científics, la clau està en tenir el major nombre de dades fiables del que es vol estudiar. Si aquestes dades no són correctes, els resultats obtinguts dels models tampoc ho seran i portaran interpretacions errònies que poden causar grans problemes.

Existeixen dos tipus de models matemàtics epidemiològics, els deterministes i els estocàstics. En els primers és possible controlar tots els factors que intervenen en l'estudi i, per tant, els resultats es prediuen amb exactitud, no contempen l'existència de l'atzar. Pel que fa als models estocàstics, no es controlen tots els factors, sinó que com a mínim una variable es pren utilitzant probabilitats i distribucions estadístiques; per tant, els resultats obtinguts no seran únics i variaran en cada simulació.

Aquesta no és la única classificació que es fa dels models epidemiològics, anteriorment hem dit que ens centràriem en un tipus de model del anomenats compartimentals. Tot i així, s'ha de tenir en compte que aquests no són els únics que s'utilitzen actualment, i que sovint en funció de l'epidèmia a estudiar és més interessant utilitzar altres tipus de models on no s'agrupi a la població.

Com s'ha explicat anteriorment, els models compartimentals es basen en separar la població en grups, assumint que els individus de cadascun d'ells té el mateix estat de salut. Per calcular com varia el nombre de persones que hi ha a cada grup i, per tant, preveure i estimar com avançarà l'epidèmia, s'utilitzen sistemes autònoms d'equacions diferencials ordinàries de primer ordre no lineals. Aquests tipus de sistemes són molt utilitzats en modelitzacions, ja que permeten calcular de manera senzilla les variacions d'individus en cadascun dels grups.

Depenent dels símptomes i de les característiques de la malaltia a estudiar, s'utilitzaran uns grups o uns altres. És molt comú que aquests models siguin només un punt de partida i que, posteriorment, s'hi afegixin equacions i paràmetres per tal d'aconseguir que el seu comportament sigui el més semblant possible al comportament real de la malaltia.

A continuació s'explicaran breument els models compartimentals més generals que hi ha. Ordenats de més bàsics (menys grups) a més complexos trobem els següents:

4.1. Model SI

Aquest model és el més simple ja que la població només està dividida en dos grups, els Susceptibles i els Infectats. S'utilitza per a modelitzar malalties que causen una infecció vitalícia (no hi ha recuperació), com per exemple el VIH. Un cop t'infectes no hi ha manera de recuperar-se.



Figura 1: Diagrama compartimental del model SI (Susceptible, Infectat)

Consisteix en el sistema de les dues equacions diferencials següents:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\beta S(t) \frac{I(t)}{N} & S(0) &= S_0 > 0 \\ \frac{dI}{dt} &= \beta S(t) \frac{I(t)}{N} & I(0) &= I_0 > 0 \end{aligned} \quad (\text{Eq. 1})$$

On:

N = Total població, S = Susceptibles, I = Infectats, β = Taxa de transmissió

On β és la taxa de transmissió (probabilitat que una persona s'infecti en estar en contacte amb un infectat), $S(t)$ és el número de persones susceptibles i $I(t)$ és el nombre de persones infectades. Per tant, $\beta S(t) \frac{I(t)}{N}$ és la quantitat de susceptibles que es convertiran a infectats per unitat de temps.

És senzill estudiar aquest sistema de manera analítica, però això no és d'interès per a aquest treball. A la bibliografia complementària es relacionen un seguit d'articles i treballs on aquest sistema d'equacions es troba resolt.

4.2. Model SIS

El model SIS és molt semblant a l'anterior ja que utilitza els dos mateixos grups. La diferència és que en aquest cas es fa servir per a aquelles malalties que no són vitalícies, de les quals és possible recuperar-se, però que, un cop recuperat, no es genera cap tipus de immunitat i, per tant, l'individu torna a formar part del grup de Susceptibles.

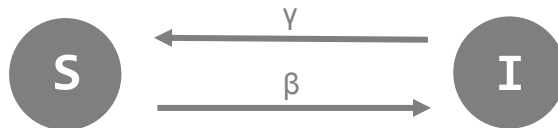


Figura 2: Diagrama compartimental del model SIS (Susceptible, Infectat, Susceptible)

Aquest model resulta molt útil per a la modelització de les malalties de transmissió sexual (ETS). Es pot formular a partir del sistema de les dues equacions diferencials següents:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\beta S(t) \frac{I(t)}{N} + \gamma I(t) & S(0) &= S_0 > 0 \\ \frac{dI}{dt} &= \beta S(t) \frac{I(t)}{N} - \gamma I(t) & I(0) &= I_0 > 0 \end{aligned} \quad (\text{Eq. 2})$$

On:

N = Total població, S = Susceptibles, I = Infectats, β = Taxa de transmissió,
 γ = Taxa de recuperació

Veiem que hi apareix un nou paràmetre respecte del model SI. γ és la taxa de recuperació i la seva dimensió és $\frac{1}{\text{unitat de temps}}$. Una altra manera d'entendre aquest paràmetre és fent la inversa, $\frac{1}{\gamma}$ és el temps mitjà que un individu està infectat, o dit d'una altra manera, el temps mitjà de recuperació de la malaltia. Per tant, el terme $\gamma I(t)$ descriu el ritme amb que els individus es recuperen de la malaltia i tornen a ser susceptibles.

El número reproductiu bàsic per a aquest model es calcula de la següent manera: $R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$.

Igual que en el model anterior, no aprofundirem en la resolució analítica i ens limitarem a fer una remissió a la informació de les publicacions que figuren detallades en la bibliografia complementària.

4.3. Model SIR

Aquest model va ser creat per Kermack i McKendrick l'any 1927 i és el primer model compartimental que es va utilitzar. En ell s'introdueix un grup nou respecte dels models anteriors, el dels Recuperats. Això és perquè, un cop els individus hagin superat la malaltia - o hagin mort -, ja no poden tornar a ser infectats, es considera que estan permanentment immunitzats. Per tant, passen a formar part del grup de Recuperats.



Figura 3: Diagrama compartimental del model SIR (Susceptible, Infectat, Recuperat)

Per tant, considerant una població total constant en el temps $N = S + I + R$, el sistema de tres equacions diferencials que s'utilitzen són:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\beta S(t) \frac{I(t)}{N} & S(0) &= S_0 = N - I_0 \\ \frac{dI}{dt} &= \beta S(t) \frac{I(t)}{N} - \gamma I(t) & I(0) &= I_0 > 0 \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I(t) & R(0) &= 0 \end{aligned} \quad (\text{Eq. 3})$$

On:

N = Total població, S = Susceptibles, E = Exposats, I = Infectats, R = Recuperats,
 β = Taxa de transmissió, γ = Taxa de recuperació

Es pot veure certa similitud entre aquestes equacions i les utilitzades en el model SIS, ja que s'empren els mateixos paràmetres. La diferència és que, com s'ha explicat anteriorment, un cop l'individu es recupera de la malaltia, no torna al grup de Susceptibles sinó que passa al grup dels Recuperats.

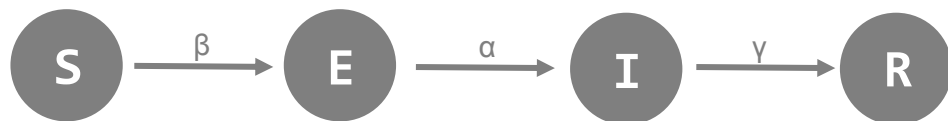
Igual que en el model SIS, el número reproductiu bàsic per a aquest model ve donat per la següent fórmula: $R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$.

Actualment es poden trobar moltes variacions i adaptacions d'aquest model a diferents situacions, com per exemple prendre en consideració els naixements i les morts de la població, o preveure l'aparició d'una vacuna durant el transcurs de l'epidèmia. Aquí es tractarà el més general per tal de facilitar la comparació amb els altres models explicats.

Aquest model ja no és possible resoldre'l analíticament com els dos anteriors. Per això, quan es treballa amb ell s'han de realitzar simulacions numèriques, en el pròxim capítol veurem com.

4.4. Model SEIR

Hi ha moltes malalties que tenen un temps d'incubació que no és possible menysprear. Per a aquests casos s'utilitza el model SEIR, en el qual, quan un individu susceptible s'infecta, abans de classificar-lo com a infectat, se'l classifica com a Exposat. Durant aquest període d'incubació l'individu no pot infectar a individus del grup de Susceptibles ni té cap símptoma de la malaltia.



*Figura 4: Diagrama compartimental del model SEIR
(Susceptible, Exposat, Infectat, Recuperat)*

Per descriure aquest model s'utilitza el sistema d'equacions diferencials següents:

$$\begin{aligned}
 \frac{dS}{dt} &= -\beta S(t) \frac{I(t)}{N} & S(0) &= S_0 = N - I_0 - E_0 \\
 \frac{dE}{dt} &= \beta S(t) \frac{I(t)}{N} - \alpha E(t) & E(0) &= E_0 \\
 \frac{dI}{dt} &= \alpha E(t) - \gamma I(t) & I(0) &= I_0 > 0 \\
 \frac{dR}{dt} &= \gamma I(t) & R(0) &= 0
 \end{aligned}
 \tag{Eq. 4}$$

On:

N = Total població, S = Susceptibles, E = Exposats, I = Infectats, R = Recuperats,
 β = Taxa de transmissió, α = Inversa del temps mitjà d'incubació de la malaltia,
 γ = Taxa de recuperació

Aquí apareix un nou paràmetre que no existia en cap dels models anteriors. α , és la taxa de propagació del grup d'Exposats a Infectats. Una manera més fàcil d'entendre el que aporta és fent la seva inversa, $\frac{1}{\alpha}$ és el temps mitjà d'incubació de la malaltia, que vindria a ser el temps mitjà des de que un individu s'infecta fins que mostra els primers símptomes. En aquest cas, per simplificar el model es considera que el temps mitjà d'incubació és el mateix que el temps mitjà latent, i que per tant, els individus triguem el mateix en mostrar símptomes que en poder infectar.

Igual que ens els dos models explicats anteriorment el número reproductiu bàsic ve donat per la següent fórmula: $R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$.

Tots els models explicats anteriorment es poden complicar introduint diferents paràmetres i variables per tal d'aproximar al màxim el model a l'evolució de l'epidèmia. Per veure les diferents maneres que hi ha d'aconseguir un model més precís, explicarem tot seguit els models que utilitzen els simuladors creats per a la COVID-19.

5. Simuladors actuals

Atesa la situació actual i amb l'objectiu d'acotar aquesta part del treball, els simuladors que estudiarem en aquesta part estan tots enfocats a representar la mateixa epidèmia, la COVID-19. Això ens serà útil, ja que, en centrar-nos en una única epidèmia podrem veure les diferències existents entre ells de manera més clara, així com, el nivell de precisió que en té cadascun.

Principalment trobem dos tipus de simuladors molt interessants. El primer s'utilitza per a representar el contacte entre individus i l'avenç del nombre de contagis, serveix per deixar-ne constància i convèncer la població de la utilitat que té el confinament de cara a aturar l'expansió de l'epidèmia. Aquests simuladors són merament representatius i no tenen cap base numèrica.

Pel que fa al segon tipus, es tracta de simuladors que fan servir els models epidemiològics explicats en les pàgines anteriors i que permeten fer estimacions de com evolucionarà el nombre d'infectats, tot variant un seguit de paràmetres. Normalment, els resultats es representen en gràfiques per tal de fer-los molt visuals i que els entengui la major part de la població. Aquests simuladors resulten molt més interessants d'estudiar que els primers, ja que utilitzen models matemàtics per fer les prediccions.

Tot i així, esmentarem un parell de simuladors de tipus 1 -a partir d'ara anomenats visuals-, ja que poden arribar a ser eines molt útils per a representar els resultats obtinguts a partir dels simuladors de tipus 2 –als quals anomenarem a partir d'ara com matemàtics-.

5.1. Simuladors visuals

Aquest simuladors no permeten fer estimacions del nombre d'infectats o del temps d'infecció. El seu ús és merament il·lustratiu i didàctic, no estan enfocats a fer prediccions sinó a intentar mostrar la importància del confinament mitjançant comparació de diferents esdeveniments. No utilitzen cap dels models matemàtics enunciats anteriorment: per tant, no són precisos ni acurats. Els més destacables són:

5.1.1. The Washington Post [15]

Aquest simulador permet fer una comparació entre quatre situacions diferents, en cadascuna de les quals la població respecta un determinat nivell de quarantena. Es caracteritza per ser

molt visual i fàcil d'interpretar. En conseqüència, la seva utilització és molt idònia en articles no especialitzats.

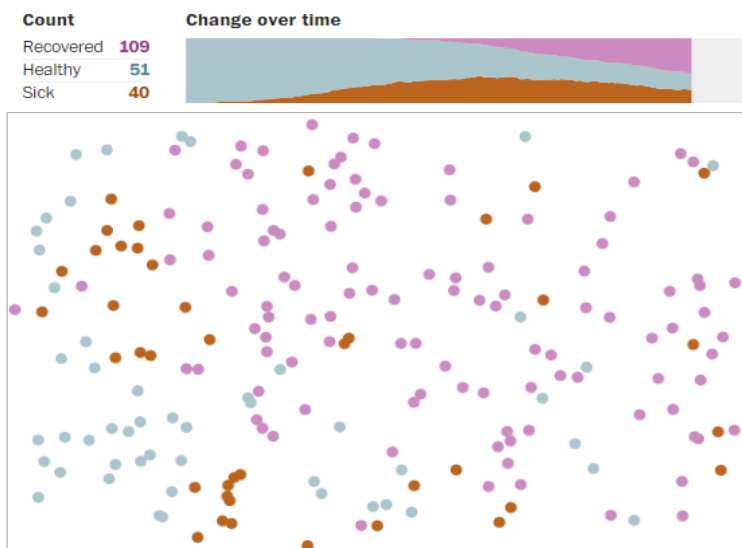


Figura 5: Imatge d'una de les simulacions que es realitza en aquest article, en la qual es representa la situació en què tres quarts de la població respecta la distància social. Es pot veure com a la part superior hi ha un comptador del nombre d'individus recuperats, malalts i sans, junt amb una gràfica que mostra l'evolució d'aquests en el temps.

5.1.2. Simulador SCRATCH [16]

Simulador molt bàsic que permet anar canviant el nivell de confinament de la població, per veure com es va modificant simultàniament el nombre d'infectats. Visualment és pitjor que l'anterior, però el fet de poder variar el nivell de confinament en qualsevol moment el fa molt interessant. A més, la gràfica que s'hi obté és molt clara.

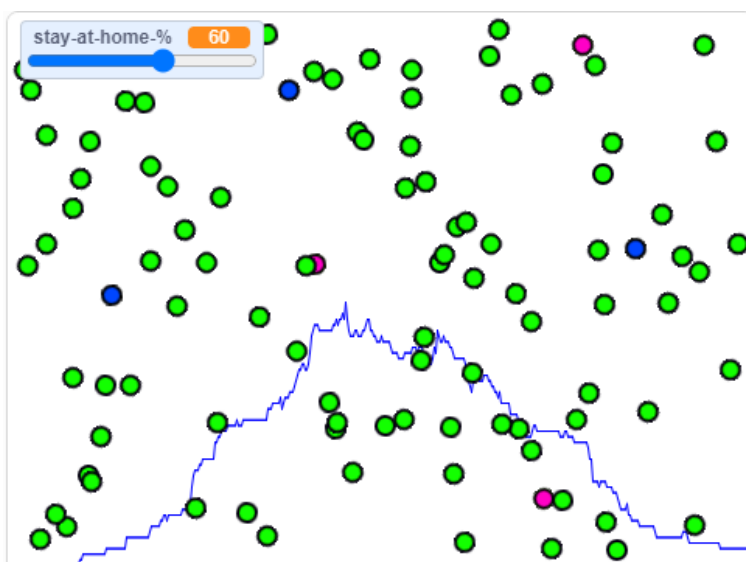


Figura 6: Imatge d'una de les simulacions que es realitza en aquest article. Es pot veure que a la part superior esquerra hi ha una barra que permet variar el percentatge de la població que es queda a casa. En verd es representen els individus que s'han recuperat de la malaltia, en lila els infectats i en blau els que no han estat contagiats.

5.2. Simuladors matemàtics

Si tenim en compte l'objectiu final del treball, aquests tipus de simuladors són els que tenen més interès, perquè utilitzen els models explicats anteriorment i per tant tenen una base matemàtica que permet simular i predir l'evolució de les epidèmies. L'objectiu és estudiar-los per veure'n les possibles mancances, ja que el que es pretén amb aquest treball és elaborar-ne un de més acurat.

5.2.1. Gabriel Goh, Epidemic Calculator [17]

Aquest simulador utilitza una variant del model SEIR explicat anteriorment. Per tal que sigui més precís i disposar de més informació, el grup d'Infectats està subdividit en tres, en funció del nivell d'hospitalització que necessiten, cosa que permet visualitzar el nivell d'ocupació dels hospitals. A més, permet modificar una gran quantitat de paràmetres de manera molt senzilla i visual.

5.2.2. Alison Hill, Modeling COVID-19 Spread [18]

Igual que l'anterior, aquest simulador es basa en el model SEIR. Tot i això, és molt més complex perquè utilitza més subgrups i altres paràmetres molt interessants, que permeten representar millor els efectes de l'epidèmia. Per tant, els resultats obtinguts són més exactes i precisos.

Aquest simulador té en compte quatre subgrups diferents dins el grup d'Infectats, repartits en funció del grau dels símptomes que té l'individu. Això és útil pel mateix motiu que en el simulador anterior, atès que permet preveure l'ocupació dels hospitals.

Els grups utilitzen les sigles següents: I_0 , per representar els individus que no tenen símptomes (asintomàtics) però que poden infectar; I_1 , on es troben els infectats amb símptomes lleus; I_2 , on hi ha els individus amb símptomes més greus i, per últim; I_3 , que representa als individus que estan en un estat crític, i han de romandre a l'UCI.

També té en compte que un individu del grup I_1 i I_2 pot passar directament al grup de recuperats sense passar per I_3 i que els individus del grup I_0 només poden passar al grup dels Recuperats.

Per fer-ho encara més acurat, el grup d'Exposats també està dividit en dos. El primer, E_0 , representaria els individus que no tenen símptomes i no poden transmetre la malaltia, i el grup

E_1 representaria els individus que, tot i trobar-se en el període d'incubació, poden transmetre la malaltia.

A més, també inclou un altre paràmetre que els altres simuladors no consideren, que s'encarrega de modificar les taxes de transmissió mitjançant un factor, per tal que el sistema actualitzi les taxes de transmissió, i evitar que no romanguin invariables a mesura que passen els dies. Per tant, dit en altres paraules, el que fa aquest factor és predir que la transmissió baixarà conforme avanci els dies.

Podem veure que aquest simulador utilitza un model molt complex. Els seus programadors han utilitzat els articles que s'han anat escrivint sobre la COVID-19 per tal d'aproximar-lo el màxim a la realitat.

El problema d'emprar simuladors tan complexos és que no es disposa de prou dades que permetin trobar el valor correcte per a cadascun dels paràmetres. Això s'haurà de tenir present a l'hora de definir el model proposat, ja que donarà millors resultats un model amb poques equacions i pocs paràmetres, sempre que els valors d'aquests siguin els adequats, que un model que incorpori molts paràmetres, però que no se'n puguin calibrar correctament els valors.

6. Modelització de la COVID-19

6.1. Breu introducció

Com és d'esperar pel moment en què ens trobem, l'objectiu d'aquest treball és aconseguir una simulació de l'evolució de la COVID-19. Per poder modelar aquest simulador és necessari tenir molt clares les etapes per les quals passen els infectats, com es va originar, i altres conceptes que ens permetran definir un model que sigui el més semblant a la realitat.

Per això, s'incorpora aquest punt al treball, on es fa una breu introducció sobre els aspectes de la malaltia.

La COVID-19 va ser notificada per primer cop a Wuhan, una ciutat de la Xina, el 31 de desembre de 2019. És una malaltia infecciosa causada per un coronavirus, una família de virus que poden causar malalties tan a animals com a humans. En el cas dels humans, aquests virus causen infeccions respiratòries de diferents magnituds.

Els símptomes més habituals són febre, tos seca i cansament. Altres símptomes menys freqüents són el mal de cap, la conjuntivitis, el mal de coll o la pèrdua d'olfacte. Generalment, aquests símptomes són lleus, però en alguns casos poden empitjorar i acabar produint pneumònies i altres dificultats respiratòries.

La majoria de les persones es recupera de la malaltia sense necessitat de cap tractament hospitalari. Es creu que els casos més greus es troben voltant d'1 de cada 5 persones que agafen la COVID-19. Les persones que tenen més possibilitats de presentar dificultats són la gent gran i les que pateixen problemes cardíacs o pulmonars.

La propagació d'aquest virus es fa mitjançant el contacte amb una persona que està infectada. Principalment aquesta propagació es produeix a través de les gotes que surten del nas o de la boca de la persona infectada quan tus, esternuda o parla. Aquesta persona infectada pot o no tenir símptomes de la malaltia.

Actualment no es disposa de cap vacuna ni medicament que pugui prevenir o curar la malaltia i, per tant, l'única manera de protegir-se d'ella és rentant-se sovint les mans, evitant tocar-se la cara i fent ús de mascaretes mèdiques.

L'expansió d'aquest virus va ser molt ràpida. Finalment, el 11 de març va ser reconeguda per la OMS com a pandèmia. Per tal d'evitar que aquest virus s'expandís més, la gran majoria de països de tot el món va declarar quarantena durant algun període de temps per tal d'impedir que el nombre d'infectats es disparés.

És interessant fer un incís per explicar les diferències entre el que significa la quarantena i l'aïllament. L'aïllament significa separar a les persones que estan malaltes amb símptomes de la COVID-19 i que, per tant, poden contagiar a altra gent. En canvi, la quarantena significa la restricció de les activitats i la separació de tota la població, encara que no tinguin símptomes de la COVID-19.

Altres països van intentar seguir una estratègia totalment diferent per a combatre el virus, la que es coneix com immunitat de grup. Aquesta immunitat es dona quan hi ha un nombre elevat d'individus que ha superat la malaltia i, per tant, estan protegits d'ella. La teoria en què es basa aquesta estratègia diu que aquest individu que estan immunitzats actuen com a tallafocs, impedit que el brot s'escampi. Generalment, aquest tipus de protecció es busca a través de la vacunació, cosa de moment impossible en el cas de la COVID-19. A més, es creu que perquè aquest mètode fos eficient hi hauria d'haver més d'un 70% de la població immune. El problema de seguir aquesta estratègia en el cas de la COVID-19 és l'alta letalitat que té, cosa que comportaria que el nombre de morts fos molt més elevat.

6.2. Definició del model

El primer pas per poder començar a fer un simulador de la COVID-19 és definir el model que s'utilitzarà. Per les característiques que té la malaltia es pot comprovar que el model SEIR és un bon model per a utilitzar-lo com a punt de partida, ja que els quatre grups que incorpora representen correctament les diferents etapes per les quals passen els individus durant la malaltia.

Tot i això, utilitzar només aquestes quatre equacions per modelitzar la COVID-19 donaria resultats molt erronis. Per tant, abans de començar a implementar el codi del simulador s'haurà de definir un model que s'adapti millor a les característiques de la malaltia, això es farà amb l'ajuda dels diferents articles i de les diferents dades publicades sobre la malaltia.

Un primer pas és decidir si el model serà estocàstic o determinista, per prendre aquesta decisió s'han consultat diferents estudis sobre el tema i s'ha vist que en aquest cas, el més adient és que el model sigui de tipus determinista. Com s'ha explicat en el capítol 4, en aquests tipus de model no es deixa cap variable al atzar ni en funció de distribucions estadístiques, sinó que totes tenen un valor concret. Això presenta molts avantatges com per el calibratge dels paràmetres, que permet fer-ho de manera més senzilla i precisa, o el fet de poder analitzar i interpretar les equacions diferencials utilitzades en el model sense massa dificultat.

A més, segons [2] els models deterministes són millors en els casos on es tenen poques dades, ja que els estocàstics en necessiten moltes per calibrar el model i poder determinar la distribució estadística en qüestió.

Com s'ha comentat anteriorment, un factor primordial a tenir en compte és l'escassetat de dades i informació que hi ha sobre la malaltia. Degut a això, és molt important evitar introduir una gran quantitat de variables, ja que ens seria impossible determinar el valor de totes elles. En aquests casos s'ha de tenir molt present quina és la informació disponible per tal que el simulador actuï de la manera esperada. Per tant, el model ha de ser senzill, i els paràmetres que s'utilitzin, fàcils de determinar.

Tot i que avui en dia encara hi ha moltes incògnites respecte de la malaltia -com ara el fet de no saber ben bé si un cop l'individu la supera desenvolupa certa immunitat i, per tant, ja no es pot tornar a infectar, o de si els individus exposats poden contagiar-, el model representarà el que diuen els últims estudis. Tot i així, el codi utilitzat en el simulador és farà de manera que sigui senzill modificar aquests aspectes, preveient que segurament el model actual no serà el definitiu.

6.2.1. Particularització del model

A continuació s'enumeren i s'expliquen les diferències que tindrà el model implementat respecte del model SEIR estàndard explicat anteriorment al capítol 4.4.

Recompte dels morts

Una característica del model SEIR és que agrupa les persones mortes i les que han superat la malaltia dins el mateix grup. La raó d'això és que, si el que interessa és veure l'evolució del nombre d'infectats, tant dels individus que han mort com dels que han superat la malaltia, es consideren no transmissors i se'ls agrupa dins el mateix grup. Tot i així, en el cas d'una pandèmia com la COVID-19, on la taxa de mortalitat és elevada i on el nombre de morts es tant important, és interessant predir com evolucionarà aquest. Per tant, el compartiment de recuperats està dividit en dos, un anomenat Recuperats i l'altre Morts.

Per poder fer aquesta divisió, necessitem tenir en compte un altre paràmetre no esmentat anteriorment. La taxa de letalitat de la malaltia (μ), que és el percentatge, en aquest cas expressada en tant per u, d'individus que moriran un cop formin part del grup d'Infectats simptomàtics. Per aclarir-ho, en el cas de que $\mu=0.005$ s'estaria considerant que de cada 1000 individus infectats i simptomàtics en moriran 5.

A més, s'ha de tenir present que els morts i el nombre d'infectats va desfasat. Això vol dir que des que l'individu s'infecta fins que mor passa un període de temps i , per tant, el nombre de morts tindrà una dinàmica semblant al nombre d'infectats, però anirà retardat. Per tal d'implementar aquesta característica al model, es necessita un altre paràmetre, γ_m . Aquest correspon a la inversa del temps mitjà des que un individu té els primers símptomes fins que mor.

Per poder tenir en compte que aquest temps mitjà des dels primers símptomes fins a la mort és diferent al temps mitjà d'infecció, el model implementa un nou grup on es troben els individus infectats que moriran.

Infectats asimptomàtics

Cada cop hi ha més estudis que demostren que el nombre d'infectats asimptomàtics és molt elevat. S'està veient que aquests individus són els culpables del major nombre de contagis i, per tant, és un grup que està influint molt en la dinàmica de la epidèmia. Per poder-los classificar i diferenciar-los dels individus simptomàtics, es considerarà un nou paràmetre θ , que correspon al tant per u d'individus infectats que no presenta símptomes. Per tant, en el cas de tenir un $\theta=0.6$ s'estarà considerant que de cada 100 individus infectats n'hi ha 60 que no presenta símptomes.

Apart d'introduir aquest paràmetre, també és necessari incorporar un nou grup en el nostre model. Aquest és el grup corresponent als individus asimptomàtics.

El fet de tenir els infectats simptomàtics i els asimptomàtics separats ens facilita el posterior pas referent a calibrar els paràmetres, atès que les dades de què disposem no tenen en compte els asimptomàtics perquè no han estat detectats a la majoria de països.

Modelització de la quarantena

Un fet molt important a tenir en compte és que va arribar un dia que la gran majoria d'individus es va quedar a casa fent quarantena. Això ha passat a la majoria de països del món i, conseqüentment, és un esdeveniment que s'ha de poder visualitzar en el model. A més, l'evolució de la epidèmia ha canviat totalment gràcies a aquesta mesura i no tenir-ho en compte portaria resultats molt erronis, que no representarien la malaltia que s'està simulant.

S'ha vist que la manera de tenir present aquest canvi en l'evolució de la epidèmia és fent que a partir d'un dia es pugui canviar a una nova taxa de transmissió (β). Això simularia la disminució de contactes entre la gent i, per tant, una disminució del número reproductiu bàsic (R_0).

La manera ideal de simular la pandèmia seria variant la β diàriament, però, com s'ha explicat anteriorment, no disposem de prou dades per poder fer tals estimacions i, en conseqüència, es treballarà amb només dues taxes de transmissió diferents.

6.2.2. Sistema d'equacions diferencials

Un cop enunciades les variacions fetes al model respecte del model SEIR, s'exposarà com queda aquest sistema d'equacions diferencials. Finalment, com s'ha explicat, s'ha decidit dividir la població en 7 grups diferents. Així doncs, el model utilitza 7 equacions diferencials, que són les següents:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta S(t) \frac{(I_a(t) + I_s(t))}{N} \\ \frac{dE}{dt} &= \beta S(t) \frac{(I_a(t) + I_s(t))}{N} - \alpha E(t) \\ \frac{dI_s}{dt} &= \alpha (1 - \theta) (1 - \mu) E(t) - \gamma_r I_s(t) \\ \frac{dI_a}{dt} &= \alpha \theta E(t) - \gamma_r I_a(t) \\ \frac{dI_m}{dt} &= \alpha (1 - \theta) \mu E(t) - \gamma_m I_m(t) \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma_r I_s(t) + \gamma_r I_a(t) \\ \frac{dM}{dt} &= \gamma_m I_m(t)\end{aligned}\tag{Eq. 5}$$

On:

N = Total població, S = Susceptibles, E = Exposats, I_s = Infectats simptomàtics, I_a = Infectats asimptomàtics, I_m = Infectats moriran, R = Recuperats, M = Morts, β = Taxa de transmissió, α = Inversa del temps mitjà d'incubació de la malaltia, θ = Percentatge de infectats asimptomàtics, μ = Taxa de letalitat (respecte el nombre d'infectats simptomàtics), γ_r = Taxa de recuperació, γ_m = Inversa del temps mitjà des dels primers símptomes fins la mort.

Per visualitzar millor el flux que segueixen els individus en el model, i d'aquesta manera entendre millor les equacions es pot visualitzar aquest diagrama.

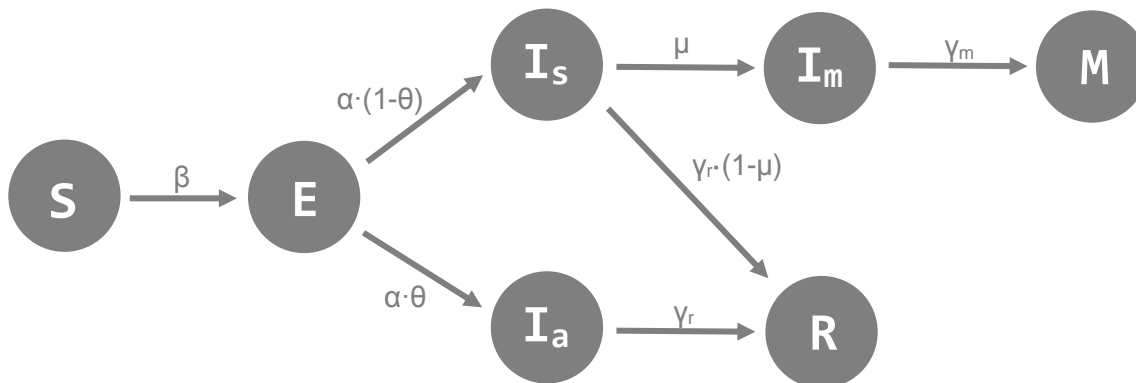


Figura 7: Diagrama compartimental del model proposat (Susceptible, Exposat, Infectat asimptomàtic, Infectat simptomàtic, Infectat que morirà, Recuperat, Mort)

6.2.3. Simplificacions considerades

Com tots els models, aquest té unes simplificacions. És impossible fer un simulador que representi exactament la realitat, ja sigui per la impossibilitat de modelitzar certs comportament o per la impossibilitat de calibrar els diferents paràmetres que inclou. Tot i això, aquests models segueixen sent molt útils, ja que aporten la informació de manera molt clara i, si es fan correctament, aquesta informació és precisa i acurada.

Si el calibratge dels paràmetres introduïts al model és el correcte, i el sistema d'equacions utilitzat representa bé el comportament de la malaltia, els resultats obtinguts és podran emprar per prendre decisions perquè seran fiables. El problema el tenim quan hi ha factors que són determinants de l'evolució de la pandèmia i aquests no s'estan tenint en compte en el model. En aquest cas, estaríem obviat informació que faria variar els resultats i, en conseqüència, aquest resultats no serien fiables.

Per tant, un punt molt important a l'hora de fer un simulador és tenir clar i deixar constància de quines són les seves limitacions, quines simplificacions s'han realitzat a l'hora de modelar-lo i quines consideracions s'han fet. D'aquesta manera, si posteriorment es demostra que alguna d'aquestes consideracions o simplificacions realitzades en fer el model són factors determinants que no es poden menysprear, es podrà saber i hi haurà constància que el model

ja no és vàlid per descriure el comportament i l'evolució de la pandèmia i, per tant, s'haurà d'actualitzar per a considerar aquests factors determinants.

Feta aquesta precisió, a continuació s'explicaran les simplificacions que s'han fet en la modelització d'aquest model:

En primer lloc, s'ha considerat que la població total és constant, això vol dir que no es tenen en compte els naixements, ni les morts que degudes a altres causes que no són la malaltia que s'està estudiant. S'ha decidit fer això, perquè en estudiar un període relativament curt de temps, aquests dos factors no són determinants. A més, com s'ha explicat anteriorment, el model està basat en macroparàmetres, això vol dir que com més gran és la població a estudiar -és a dir, com major sigui el nombre d'individus que són objecte d'estudi-, més precisos seran els resultats. Com que l'objectiu és calibrar aquest model per a Catalunya, aquest paràmetre complicarien la simulació i en cap cas aportarien informació que fes variar els resultats obtinguts.

En segon lloc, pel que fa a la dinàmica dels infectats s'han fet diverses consideracions.

La primera és que el període mitjà d'incubació és el mateix que el període mitjà latent, o, dit d'una altra manera, que un individu pot transmetre la malaltia a la vegada que comença a presentar els primers símptomes. Per tant, en aquest model no es considera que els individus que estan al grup d'Exposats poden infectar.

La segona consideració és que la taxa de transmissió és la mateixa pels infectats asimptomàtics que pels infectats simptomàtics. Aquesta decisió s'ha pres perquè, tot i que en diversos estudis s'ha demostrat que els infectats simptomàtics tenen major càrrega vírica i, per tant, és més fàcil que quan estan en contacte amb un individu susceptible aquest l'infecti, aquests individus que presenten símptomes tenen una taxa de contacte molt inferior a la dels asimptomàtics. Per això, es considera que la taxa de transmissió β , calculada com el producte de la taxa de contacte i el risc d'infecció, és la mateixa per a tots dos grups.

Respecte d'aquesta taxa de transmissió β , es considera que és valor constant durant un període de temps. Realment, aquest paràmetre varia diàriament, però és impossible determinar-ne el valor. Per aquest motiu, es consideraran només dues β , una per descriure la taxa de transmissió prèvia a la quarantena i una per descriure la taxa de transmissió durant el període on la població ha fet quarantena.

En tercer lloc, seguint amb les consideracions referents als grups d'infectats, es considera que els infectats que moriran no transmeten la malaltia als individus susceptibles. I això perquè es considera que aquests individus presentaran símptomes greus i, per tant, estaran ingressats

a l'hospital, lloc on no tindran contacte amb cap individu simptomàtic i, en conseqüència, no podran transmetre la malaltia.

L'última consideració que cal fer pel que fa als grups d'Infectats és que els infectats inicials són aquells que van arribar a Catalunya durant els primers dies del brot (representen els casos importats d'altres països). A més, se'ls considera a tots ells com a individus simptomàtics. Aquesta decisió no ha d'afectar en gran mesura a la simulació, ja que, com s'ha explicat anteriorment, la taxa de transmissió és la mateixa tant pels individus simptomàtics com pels asimptomàtics. A més, és impossible fer una estimació del nombre d'individus asimptomàtics que van arribar a Catalunya i, en canvi, sí que és possible fer una estimació pel que fa als casos importats d'individus simptomàtics.

En tercer lloc, cal assenyalar que aquest model no contempla diferents grups d'edats, sinó que es considera tota la població com un sol grup. Això hauria estat interessant a l'hora de poder introduir diferents taxes de letalitat de la malaltia en funció del grup d'edat en el qual ens trobem, però s'ha vist que actualment no hi ha suficients dades per a determinar aquests valors. Per tant, hauria estat un error introduir paràmetres al model que no es poden calibrar.

Per últim, aquest model considera que els individus que hagin superat la malaltia, havent presentat símptomes o no, i que, per tant, formen part del grup de Recuperats, no poden transmetre la malaltia ni tornar-la a agafar. Els estudis més recents publicats sobre el tema informen que els individus que l'han superat, desenvolupen immunitat cap al virus i, per aquest motiu, no poden tornar-se a infectar.

6.3. Codi implementat

Per implementar el sistema d'equacions diferencials mencionat anteriorment s'ha utilitzat Python. Aquest programa acompanyat dels seus paquets científics com per exemple NumPy, Matplotlib o Pandas ens permeten resoldre aquestes equacions diferencials a partir de mètodes numèrics. A més, ens permet visualitzar el resultat obtingut en una gràfica, cosa que ajuda molt a poder-lo entendre. A continuació s'adjunta el codi amb les anotacions pertinents per tal d'explicar les diferents parts:

#Inicialització i importació dels paquets científics que ens permetran resoldre les equacions diferencials i mostrar el resultat en una gràfica

```
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
import pandas as pd
```

#Assignació dels valors desitjats a cadascun dels paràmetres del model, en aquest cas estan ficats els valors de la Taula 1.

#N és el la població total, inf_inicial és el nombre d'individus infectats el dia d'inici del brot, assimp és el tant per u d'infectats asimptomàtics, beta0 és la taxa de transmissió incial, T_inc és el temps mitjà d'incubació en dies, T_inf és el temps mitjà d'infecció en dies, T_mor és el temps mitjà en dies des que un individu té els primers símptomes fins la mort, mu és la taxa de mortalitat ajustada, beta1 és la taxa de transmissió durant la quarantena, dia_intervencio és el dia en que s'inicia la quarantena i dies és per seleccionar la quantitat de dies que es volen simular.

```
N = 7600000; inf_inicial = 4; assimp = 0.46; beta0 = 2.14068; T_inc = 5.1; T_inf = 7.3; T_mor = 8;
mu = 0.051; beta1 = 0.08389; dia_intervencio = 26; dies = 84;
```

#Obrir i ordenar les dades oficials de la Generalitat de Catalunya

```
bbdd = pd.read_excel(r'dadesCOVIDcat17_05.xlsx')
bbdd_sort = bbdd.sort_index(ascending=False)
dades = bbdd_sort.reset_index()
```

#Definició de la funció

```
def COVID (N, inf_inicial, assimp, beta0, T_inc, T_inf, T_mor, mu, beta1, dia_intervencio, dies,
dades):
```

#Càlcul dels paràmetres que apareixen a les equacions

```
    beta = beta0
    alpha = 1/T_inc
    gamma = 1/T_inf
    gamma_morts = 1/T_mor
```

#Creació dels diferents grups als que poden estar els individus: S (Susceptible), E (Exposats), Is (Infectats simptomàtics), Ia (Infectats asimptomàtics), Im (Infectats que moriran), R (Recuperats) i M (Morts).

```
    SEIIIRM = np.zeros(7)
```

#0 és grup de Susceptibles on inicialment està tota la població (N) menys els infectats inicials

SEIIRM[0] = N - inf_inicial

#2 és el grup d'Infectats simptomàtics on hi ha els infectats inicials

SEIIRM[2] = inf_inicial

#Creació de les llistes on s'aniran afegint el nombre d'individus què hi ha a cada grup

S_acumulat = []

E_acumulat = []

Is_acumulat = []

Ia_acumulat = []

Im_acumulat = []

R_acumulat = []

M_acumulat = []

Is_total = inf_inicial

I_total = inf_inicial

Is_total_acumulat = []

I_total_acumulat = []

#Inici de la iteració per resoldre les equacions diferencials

for dia in range(dies):

#Condicció per que a partir del dia_intervenció la beta utilitzada pels càlculs sigui la correcta

if dia >= dia_intervencio:

beta = beta1

#Càlcul de les diferents variacions

nous_exp = beta * SEIIRM[0] * (SEIIRM[2] + SEIIRM[3]) / N

nous_inf_s = alpha * SEIIRM[1] * (1-assimp) * (1-mu)

nous_inf_a = alpha * SEIIRM[1] * (assimp)

nous_inf_m = alpha * SEIIRM[1] * (1-assimp) * mu

nous_rec_s = gamma * SEIIRM[2]

nous_rec_a = gamma * SEIIRM[3]

nous_morts = gamma_morts * SEIIRM[4]

#Càlcul del nombre d'individus que hi haurà a cada grup

```

SEIIIRM[0] = SEIIIRM[0] - nous_exp
SEIIIRM[1] = SEIIIRM[1] + nous_exp - nous_inf_s - nous_inf_a - nous_inf_m
SEIIIRM[2] = SEIIIRM[2] + nous_inf_s - nous_rec_s
SEIIIRM[3] = SEIIIRM[3] + nous_inf_a - nous_rec_a
SEIIIRM[4] = SEIIIRM[4] + nous_inf_m - nous_morts
SEIIIRM[5] = SEIIIRM[5] + nous_rec_a + nous_rec_s
SEIIIRM[6] = SEIIIRM[6] + nous_morts
ls_total = ls_total + nous_inf_s + nous_inf_m
l_total = l_total + nous_inf_m + nous_inf_s + nous_inf_a

```

#Afegir els resultats obtinguts a la llista

```

S_acumulat.append(SEIIIRM[0])
E_acumulat.append(SEIIIRM[1])
ls_acumulat.append(SEIIIRM[2])
la_acumulat.append(SEIIIRM[3])
lm_acumulat.append(SEIIIRM[4])
R_acumulat.append(SEIIIRM[5])
M_acumulat.append(SEIIIRM[6])
ls_total_acumulat.append(ls_total)
l_total_acumulat.append(l_total)

```

#Classificar les dades publicades per la Generalitat de Catalunya

```

l_dades = dades['Total casos confirmats']
M_dades = dades['Total defuncions']

```

*#Mostrar les gràfiques amb els resultats obtinguts**#Gràfica comparativa del nombre d'infectats acumulats*

```

plt.figure(figsize=(14, 9))
plt.plot(l_total_acumulat, 'k', label='Infectats totals simulador')
plt.plot(l_dades, 'r', label='Infectats confirmats')
plt.axvline(x=dia_intervencio, color='k', linestyle='--', label='Dia inici quarantena')
plt.xlabel("Dies des de l'inici del brot")
plt.ylabel("Nombre d'individus")
plt.grid()
plt.legend(loc='upper left')
plt.savefig('Grafic_Infectats.png')

```

#Gràfica comparativa del nombre de morts acumulats

```
plt.figure(figsize=(14, 9))
plt.plot(M_acumulat, 'k', label='Morts simulador')
plt.plot(M_dades, 'r', label='Morts confirmats')
plt.axvline(x=dia_intervencio, color='k', linestyle='--', label='Dia inici quarantena')
plt.xlabel("Dies des de l'inici del brot")
plt.ylabel("Nombre d'individus")
plt.grid()
plt.legend(loc='upper left')
plt.savefig('Grafic_Morts.png')
```

#Gràfica amb tots els valors calculats pel simulador

```
plt.figure(figsize=(14, 9))
plt.plot(S_acumulat, 'g', label='Susceptibles')
plt.plot(E_acumulat, 'b', label='Exposats')
plt.plot(Is_acumulat, 'r', label='Infectats simptomàtics')
plt.plot(Ia_acumulat, 'c', label='Infectats asimptomàtics')
plt.plot(Im_acumulat, 'm', label='Infectats que moriran')
plt.plot(R_acumulat, 'y', label='Recuperats')
plt.plot(M_acumulat, 'k', label='Morts')
plt.axvline(x=dia_intervencio, color='k', linestyle='--', label='Dia inici quarantena')
plt.xlabel("Dies des de l'inici del brot")
plt.ylabel("Nombre d'individus")
plt.grid()
plt.legend(loc='upper left')
plt.savefig('Grafic_General.png')
```

#Creació d'una taula amb Pandas, en aquest cas de les dades referents als morts

```
df = pd.DataFrame({'Morts confirmats': M_dades, 'Morts simuladors': M_acumulat})
```

#Retorn de la taula junt amb el valor simulat d'infectats del dia 13 de maig

```
return df, I_total_acumulat[79]
```

Es pot comprovar que el codi està fet de tal manera que sigui senzill de modificar. D'aquesta manera, si es publiquen nous estudis on s'informin de nous aspectes significativament importants a considerar, serà fàcil fer les modificacions pertinents.

7. Aplicació a Catalunya

Un cop definit el model matemàtic, queda el pas més difícil per poder tenir un bon simulador: calibrar els diferents paràmetres que hi apareixen. Aquesta feina és la més important. Els models matemàtics funcionaran correctament sempre i quan s'hi introdueixin les dades i els paràmetres correctes. Si s'aconsegueix trobar el valor adequat per a cadascuna de les variables de les equacions del model, el simulador descriurà correctament la pandèmia. El problema és que per poder trobar aquest valor es necessari disposar d'una gran quantitat de dades i, actualment, no només es disposa de poques dades, sinó que tampoc es disposa d'una gran quantitat d'estudis sobre la malaltia. Per tant, serà complicat trobar un valor fiable per a cadascun dels paràmetres.

A més, hem vist que cada país computa el nombre d'infectats i de defuncions de manera diferent. Per tant, sota el mateix nom, les dades publicades representen coses diferents en funció del país que les proporcioni. Per aquest motiu, intentar agrupar-les totes elles seria un error, ja que no s'estaria sumant el mateix. Per tal de minimitzar aquests errors en les dades, s'estudiarà un territori que utilitzi el mateix mecanisme pel que fa al procés de comptar i publicar l'evolució de la pandèmia.

S'ha decidit que el territori en qüestió sigui Catalunya. El motiu és que, com s'ha mencionat anteriorment, aquest tipus de model funciona millor quan es treballa amb macroparàmetres i, per tant, cal que el territori sigui suficientment gran per poder calibrar-lo de la manera adequada i que els valors hi obtinguts siguin fiables. Hauria estat interessant poder ampliar aquest territori a tota Espanya, ja que el model obtindria millors resultats, però ens trobem amb el mateix problema que s'ha comentat anteriorment, cada comunitat autònoma publica la informació de manera diferent i no utilitzen el mateix mecanisme a l'hora de publicar les dades.

Un cop estimats els diferents paràmetres pel que fa al territori de Catalunya, s'anirà comprovant si les diferents estimacions realitzades amb el simulador prediuen correctament el comportament de la pandèmia, cosa que voldria dir que els paràmetres estan calibrats correctament i que el simulador prediu l'evolució de la pandèmia amb poc error. Si no és així, el model s'haurà de tornar a calibrar amb les noves dades de què es disposi.

7.1. Calibrat dels paràmetres

El primer pas, un cop definit el sistema d'equacions diferencials, és calibrar els paràmetres que hi apareixen.

Per tal de determinar el valor d'aquests paràmetres es farà ús dels articles científics i de les dades que publica la Generalitat diàriament.

S'ha conclòs que la manera més idònia per a calibrar el model és la següent: començar determinant els paràmetres que no són possibles de calibrar mitjançant les dades de la Generalitat, que en aquest cas són els referents a les característiques de la malaltia, com per exemple el temps mitjà d'incubació, el temps d'infecció mitjà o el percentatge d'individus infectats que no mostra símptomes. Posteriorment, aquells paràmetres dels quals no s'hagin fet estudis o estimacions es calibraran utilitzant les dades de la Generalitat. Això es farà iterant cadascun d'aquest paràmetres fins que el model representi perfectament les dades que es tenen a hores d'ara. Un cop fet això, es podrà anar actualitzant el model alhora que s'actualitzin les dades publicades.

A continuació, s'explicarà el valor de cadascun dels paràmetres que s'han determinat, emprant els estudis i articles publicats:

7.1.1. Temps mitjà d'incubació

El temps mitjà d'incubació ens permet trobar el valor de α , la taxa de propagació del grup d'Exposats al d'Infectats. Cal recordar que aquesta taxa α és calcula fent la inversa del temps mitjà d'incubació.

Actualment no és possible determinar aquest valor a partir de les dades publicades per la Generalitat i tampoc s'ha publicat cap estudi fet a Catalunya sobre el mateix. Per això, per trobar un valor fiable es faran servir diferents estudis i articles publicats a altres països en els quals si s'han fet estimacions d'aquest valor. Com el valor d'aquest paràmetre ha de ser bastant uniforme per a tot el conjunt de la població mundial i, per tant, no hauria de dependre del territori que s'està estudiant, es creu que el valor determinat es podrà assimilar sense cap problema.

En un primer estudi realitzat a la Xina [5] en el qual s'exposen les característiques clíniques de la COVID-19, es va determinar que el temps d'incubació variava en funció de la persona, i que aquest podia anar des dels 2 dies fins als 14. En un segon estudi, difós per la OMS [6], es va estimar que el període d'incubació es trobava en un 95% dels casos entre els 4.5 i 5.8 dies, sent **5.1 dies** el temps mitjà d'incubació. Per tant, el paràmetre α tindrà un valor de 0.196.

7.1.2. Temps mitjà d'infecció

El temps d'infecció mitjà ens permetrà trobar la taxa de recuperació γ_r o la taxa de propagació del grup d'Infectats al de Recuperats, fent la seva inversa.

L'inconvenient aquí és el mateix que en el cas anterior, no és possible determinar aquest valor a partir de les dades publicades i no hi ha cap estudi realitzat a Catalunya on es faci una estimació. Per tant s'hauran de tornar a utilitzar estudis externs on s'hagin realitzat estimacions d'aquest valor.

Avui en dia hi ha pocs estudis on s'hagi realitzat un estudi exhaustiu sobre aquest paràmetre. Tot i això, recentment s'han publicat diversos articles i informes [9] [10] [11] i en tots ells s'estima que el temps mitjà durant el qual un individu infectat pot transmetre la malaltia és troba al voltant dels **7.3 dies**. Aquest és un paràmetre que en un principi no hauria de variar significativament amb el territori i, per tant, aquesta estimació és perfectament assumible per al cas de Catalunya.

7.1.3. Temps mitjà des dels primers símptomes fins la mort

El temps que passa des dels primers símptomes fins a la mort ens permet calcular el paràmetre γ_m . Aquest es necessari ja que és el que determina el desfasament entre el nombre d'infectats simptomàtics i el nombre de morts.

Al igual que en els paràmetres explicats anteriorment, tampoc es possible determinar el seu valor amb dades o estudis publicats a Catalunya. Per això, s'hauran tenir en compte de nou estudis publicats a altres països.

En un estudi realitzat a Itàlia [14] s'estima que aquest temps mitjà és de **8 dies**.

7.1.4. Taxa de letalitat μ

Com s'ha dit anteriorment, en aquest treball s'utilitzarà la taxa de letalitat i no la taxa de mortalitat. Tot i així, es farà una modificació d'aquesta taxa de letalitat que facilitarà la posterior simulació. La taxa de letalitat utilitzada en el treball correspon al nombre de morts que hi ha en relació al nombre d'infectats simptomàtics, no respecte del nombre d'infectats totals. El fet de considerar només els infectats simptomàtics pot resultar estrany, però fent aquesta variació tindrem molts avantatges, com el fet que el model sigui més senzill a l'hora de programar i, el més important, que es puguin utilitzar i assimilar de manera més senzilla les dades proporcionades per la Generalitat.

Per tal de trobar el valor d'aquest paràmetre, s'ha intentat fer-ho a partir de les dades diàries que publica la Generalitat [19], on s'informa del nombre de defuncions i del nombre de nous casos confirmats. El problema és que, degut a que actualment no s'estan realitzant massivament tests a la població, no se sap el nombre real d'infectats simptomàtics i, en conseqüència, no hi ha manera de fer una estimació d'aquest valor. Per això, en calcular la taxa de letalitat a partir d'aquestes dades, el valor obtingut està al voltant del 10%. Com es pot veure, és un valor que de cap manera representa la letalitat d'aquesta malaltia i que, per tant, no es pot fer servir per a determinar aquest paràmetre.

Actualment, no hi ha estudis realitzats a Espanya o Catalunya en els quals s'hagi fet una estimació d'aquest paràmetre, tot i així recentment s'han publicat diferents estudis on sí se'n fan. Un exemple seria el següent, [7] publicat a la revista The Lancet on s'estima que la taxa de letalitat de la COVID-19 està al voltant del 2.3%. En veure aquest valor, veiem que el valor que es pot determinar a partir de les dades publicades per la Generalitat no és correcte i no es pot utilitzar.

Malgrat això, després de fer algunes simulacions amb el model es creu que la taxa de letalitat difosa per la revista The Lancet no és del tot correcta per al cas de Catalunya i que en aquest territori la taxa és lleugerament superior. El motiu d'això és que aquesta taxa de letalitat varia en funció del país en què ens trobem, degut a factors com l'edat de la població i la qualitat del sistema sanitari, entre d'altres.

S'ha decidit que es començarà la simulació considerant un valor per la taxa de letalitat del 2.85%, una mica superior al comentat anteriorment. A més, s'ha de tenir present que, abans d'introduir aquest valor al nostre model, s'ha de fer la correcció comentada anteriorment referent a considerar només els infectats simptomàtics. Per tant, un cop fetes aquestes consideracions el valor a introduir al simulador pel que fa a la taxa de letalitat és del **5.1%**.

7.1.5. Percentatge d'individus asimptomàtics Θ

Aquest és possiblement un dels paràmetres més importants per entendre i explicar la pandèmia. Poder tenir una idea de quin és el percentatge d'individus que ha superat la malaltia i que, per aquest motiu, és immune facilitaria molt la tornada a la normalitat, ja que els individus que l'han superat actuen com a barrera pel que fa a l'expansió del virus i, per tant, la possibilitat que hi hagués un rebrot seria mínima. El problema és que, per calcular aquest valor de forma precisa, és necessari fer tests a una gran part de la població cada setmana.

Donat que això no es possible actualment i que, mitjançant les dades publicades és impossible fer estimacions d'aquest valor a Catalunya, s'hauran d'utilitzar diferents estudis i articles que s'han publicat sobre el tema per tal de poder trobar-ne un valor aproximat. En un primer estudi [3] realitzat a tots els individus que es trobaven dins un creuer fent quarantena, es van realitzar tests a tots ells i es va arribar a la conclusió que un 18% dels infectats no havia manifestat cap tipus de símptoma, el problema és que els individus que es trobaven en aquest creuer eren majoritàriament avis i es creu que aquest fet va influir en el resultat i que, en realitat, el nombre d'individus asimptomàtics és més elevat.

En un altre estudi molt semblant a l'anterior, realitzat a la tripulació d'un portaavions dels Estats Units [4], es va comprovar que, en aquest cas, el percentatge d'individus asimptomàtics era molt més elevat, concretament de gairebé un 60%. Es pot veure que aquest valor varia considerablement respecte de l'anterior i que és un paràmetre que està costant molt de determinar.

Tot i això, des que s'ha vist la importància d'aquest paràmetre, s'estan realitzant molts estudis a diferents països per tal de tenir-ne una millor estimació. Recentment, un estudi realitzat a Itàlia [12] va determinar que aquest percentatge era del 43.2%, valor molt proper al publicat en un altre estudi [13], que va estimar que era del 46%.

Fins que no es publiquin dades o articles referents a aquest valor a Catalunya, s'utilitzarà el de **46%**, ja que el mateix no hauria de canviar en funció del territori en què ens trobem i l'estudi que estimava aquest valor és el que s'ha vist que és més acurat i que està millor realitzat.

Aquests són els paràmetres que es poden determinar a partir d'estudis realitzats a altres països, atès que el seu valor no ha de variar de manera significativa respecte del de Catalunya. Els altres paràmetres que necessitem per tal de calibrar el simulador s'hauran de determinar utilitzant les dades publicades per la Generalitat, tot fent-hi diferents suposicions.

Per poder posar en marxa el simulador també es necessari determinar la població total que s'està estudiant i el dia en què la taxa de transmissió passa del seu valor inicial a l'altre. Pel que fa a la població total (N), el nombre que s'utilitzarà és **7.600.000**, que ve a ser el nombre d'individus que hi ha a Catalunya. Pel que fa al dia d'intervenció, que seria el dia que la taxa de transmissió canvia, és **26 dies**, ja que el primer cas de la COVID-19 a Catalunya es va donar el 20 de febrer i es va declarar la quarantena el 16 de març següent, fet que es representa amb aquesta variació de la taxa.

7.1.6. β_0 , β_1 i nombre d'infectats inicials

Els paràmetres que falten per determinar són el nombre inicial d'infectats i les taxes de transmissió (β). El nombre inicial d'infectats representa el nombre d'individus infectats que van arribar els primers dies del brot a Catalunya des d'altres regions.

Com s'ha comentat anteriorment, la determinació d'aquests paràmetres es farà iterant fins a trobar el valor que representi millor les dades de la pandèmia per al cas de Catalunya. Per tant, abans d'utilitzar aquestes dades s'haurà de tenir clar quina informació ens aporten, així com algunes qüestions sobre elles que podrien comportar interpretacions errònies dels resultats.

Pel que fa a la informació que contenen, en aquestes dades trobem: el nombre de nous casos diaris confirmats, que són aquells que han donat positiu en alguna prova diagnòstica, com per exemple un PCR o un test ràpid; les defuncions diàries, dada que prové de les empreses de serveis funeraris, i les altes diàries. Podem veure que la informació aportada és mínima i que aquesta no era suficient per a poder determinar tots els paràmetres que inclou el nostre model. Per aquest motiu, no hi ha hagut una altra solució que utilitzar articles i estudis realitzats a altres països per així poder calibrar els diferents paràmetres.

Un primer detall a tenir en compte respecte del nombre d'infectats que apareix a les dades és que els primers dies que va sorgir el brot no es disposava de gran quantitat de tests ni eines per a confirmar els casos que hi havia i, a més, els que es confirmaven no es detectaven el primer dia que l'individu tenia símptomes. Això segueix passant actualment, el nombre d'infectats confirmats té un cert desfasament, ja que la persona infectada triga uns dies en anar a l'hospital i, a més, l'hospital també triga uns dies en tenir el resultat de la prova. Això fa que a l'hora de determinar els valors de les taxes de transmissió s'hagi de tenir present que el nombre d'infectats que hi havia no és el que apareix a les dades. Per tant, la gràfica que ha de mostrar el simulador ha d'estar molt per sobre de les dades referents al nombre d'infectats

publicades per la Generalitat. També s'ha de tenir present que, a mesura que passen els dies, el nombre de testos que es realitza és major i, per tant, el nombre de casos no confirmats ha de ser menor. Amb això s'espera que, en el moment de representar aquests valors en un gràfic, la corba referent a les dades reals i la referent a les dades simulades han de tenir una tendència a apropar-se.

En segon lloc, s'ha de tenir en compte que les dades referents al nombre d'infectats no són acurades i ni molt menys representen les dimensions de l'epidèmia; per tant, utilitzar-les per a calibrar el model faria que els resultats obtinguts fossin erronis. Per això, només s'utilitzarà aquesta columna de les dades per confirmar posteriorment que els resultats obtinguts són correctes.

Les dades que són realment interessants i que ens permetran calibrar el model són les referents al nombre de morts. La informació que ens donen és més fiable que el nombre de casos confirmats, i els resultats i calibrat que obtindrem a partir d'elles serà molt més acurat. Tot i així, l'inconvenient d'utilitzar aquestes dades és que en el model el nombre de morts depèn directament de la taxa de letalitat i aquest és un paràmetre que s'ha determinat mitjançant un estudi realitzat fora del territori que estem estudiant, fet que podria portar a interpretacions errònies. Però tot fa pensar que aquest valor de la taxa de letalitat és bastant uniforme i que, en conseqüència, no ha de variar significativament pel que fa a Catalunya. A més, en ser un valor senzill de modificar, si posteriorment es veu que el valor determinat anteriorment no es lògic, es podrà tornar a calibrar i acabarem trobant el valor adequat.

Per poder trobar els valors d'aquests tres paràmetres que descriuen millor l'epidèmia i que, per tant, representen de manera més exacte el nombre de morts, s'utilitzarà un programa que anirà provant diferents valors de manera iterativa. Aquest programa iterarà els tres paràmetres i compararà els valors obtingut de les dades simulades amb les reals, calculant per a cada una d'aquestes iteracions la de suma de diferències al quadrat. Finalment, el programa es quedarà amb els valors corresponents que hagin fet que aquesta suma de diferències al quadrat sigui la més propera a 0. En fer això, s'obtindran els paràmetres que representen millor les dades publicades.

El primer pas, necessari perquè aquesta iteració calibri els paràmetres de manera correcta, consisteix a fer una revisió dels valors publicats per la Generalitat [19]. Les dades referents al nombre de morts sovint tenen errors. Un exemple d'aquests és el fet de que hi ha un dia que el nombre de morts acumulats disminueix. Tenir errors com aquest a la base de dades pot fer que els resultats obtinguts no siguin els que s'esperen i que el calibrat no es realitzi de la manera adequada. Per tant, abans de fer les diverses iteracions s'haurà de revisar que les dades no tenen errors.

Per fer aquest pas s'ha estudiat de quina manera es notifiquen i es compten els morts diaris.

S'ha vist que, en un principi, les pautes utilitzades eren diferents i que només es computaven els individus que havien mort a un hospital. Posteriorment, l'Administració va començar a comptar també els morts a les residències i domicilis. A banda d'això, també s'han detectat errors deguts al fet que les funeràries sovint notifiquen les defuncions amb retard. Constatats aquests errors, no seria adequat utilitzar directament les dades publicades pel Departament de Salut [19]. Abans d'introduir-les al programa s'hauran de corregir els aspectes que acabem de comentar i fer que les defuncions corresponguin a la data de la defunció i no a la de notificació. Per fer això s'ha consultat la informació publicada per Betevé [20], que ha fet un seguiment i una revisió diària de les dades que ha anat publicant el Departament de Salut; per tant, les dades que apareixen al seu web són més precises i s'han utilitzat per a esmenar els errors existents.

Un cop s'han revisat i ajustat aquests errors de les dades, ja es pot fer el calibrat dels tres paràmetres restants.

El programa emprat per a fer-ho és el següent:

#Inicialitzar dades

Dif_total_bo=10000000

#Obrir i ordenar les dades oficials Generalitat de Catalunya

bddd = pd.read_excel(r'dadesCOVIDcat10_05.xlsx')

bddd_sort = bddd.sort_index(ascending=False)

dades=bddd_sort.reset_index()

I_dades=dades['Total casos confirmats']

M_dades=dades['Total defuncions']

#Iteració sobre els tres paràmetres

for inf_inicial in np.linspace(1,50,40, dtype=int):

for beta0 in np.linspace(1.7,2.2,60):

for beta1 in np.linspace(0.05,0.15,60):

#Ús d'una funció modificada de l'esmentada anteriorment al capítol 6.3 per tal que la iteració sigui més eficient.

M_acumulat = COVID_s(7600000,inf_inicial,0.46,beta0,5.1,7.3,8,0.051,beta1,26,77)

df = pd.DataFrame({'Morts confirmats': M_dades, 'Morts simuladors': M_acumulat})

#Càlcul del quadrat de la diferència entre els valors reals i els simulats

df['Dif'] = (df['Morts confirmats']-df['Morts simuladors'])2**

```

Dif_total = df['Dif'].sum()
#Emmagatzemar els paràmetres que donen millors resultats
if Dif_total < Dif_total_bo:
    Dif_total_bo = Dif_total
    inf_inicial_bo = inf_inicial
    beta0_bo = beta0
    beta1_bo = beta1

#Mostrar els valors determinats
print(Dif_total_bo, inf_inicial_bo , beta0_bo , beta1_bo)

```

El codi utilitzat en aquest programa varia respecte el codi mencionat a l'apartat 6.3, ja que està optimitzat perquè la iteració es faci de manera més ràpida i no tardi tant temps.

S'ha seleccionat que el programa iteri dins uns intervals determinats, en funció de cadascun d'aquest paràmetres. Aquest intervals s'han determinat de manera que qualsevol valor dins d'ells és un valor possible i esperat pel que fa a l'evolució de la pandèmia. A més, el fet de tenir aquests paràmetres acurats permet que el simulador iteri en un interval menor i que els resultats obtinguts siguin més precisos.

El primer intent de calibrat es va realitzar el dia 10 de maig, i els resultats obtinguts van ser els següents:

Nombre d'infectats inicials = 4

$\beta_0 = 2.1237288$

$\beta_1 = 0.09237288$

Va sobtar molt el fet que la taxa de transmissió inicial (β_0) fos tant alta, però un cop es van veure les diferents estimacions publicades referents al creixement inicial del nombre d'infectats es pot veure que no es un valor tan mal encaminat.

En veure la diferència entre el valor corresponent a la taxa de transmissió abans de la quarantena i la posterior, es constata l'efecte que ha tingut la mateixa i ens podem fer una idea de la magnitud que podria haver tingut aquesta epidèmia si no s'hagués actuat.

Un cop es va fer un primer calibratge de tots els paràmetres, es va efectuar una previsió a curt termini de com es creia que hauria d'evolucionar el nombre de morts, amb la finalitat de comprovar si el simulador estimava correctament el creixement d'aquesta dada. Per confirmar això, es van utilitzar els valors dels paràmetres calibrats el dia 10 de maig (dia 80) i es van sobreposar els resultats obtinguts amb el simulador amb les dades reals fins al dia 17 de maig (dia 87).

En el gràfic de la *Figura 8* es pot veure com les dades simulades estan per sobre del nombre de morts confirmats. Es creu que això és degut al fet que durant aquest dies es van començar a buidar els hospitals i, per tant, es van poder tractar millor els individus infectats, alhora que també podia influir la temperatura en la taxa de transmissió del virus. Aquests fets van causar que el nombre de morts disminuís.

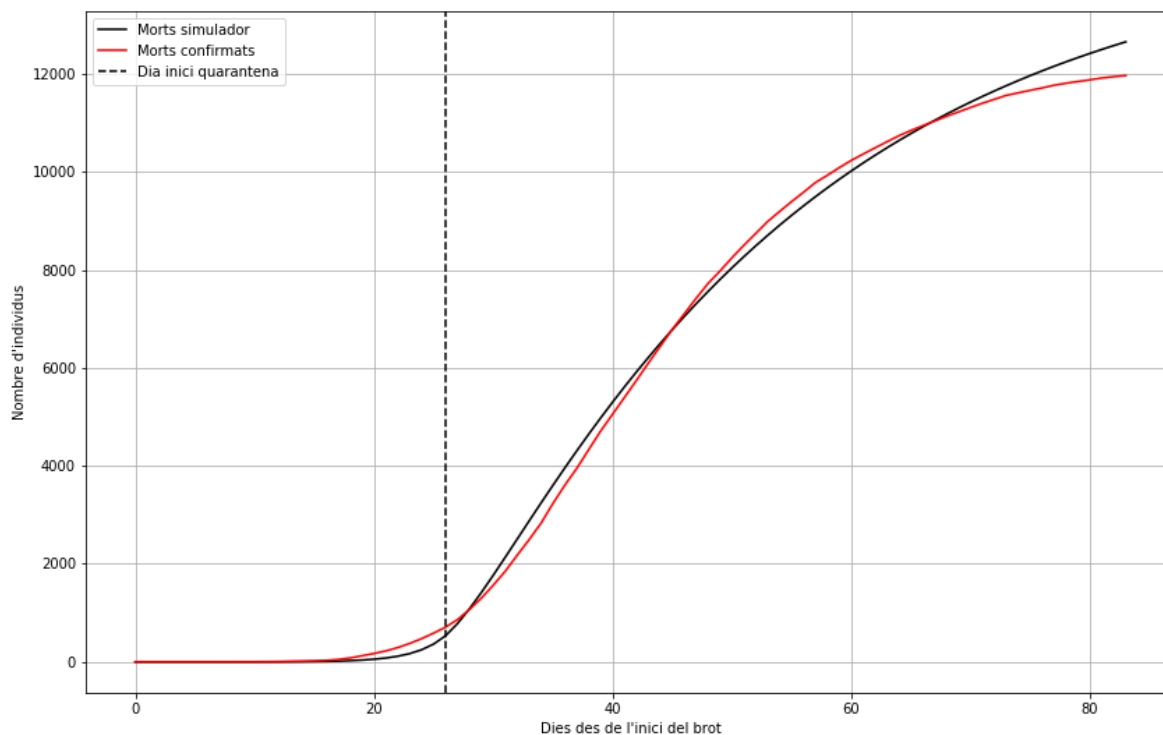


Figura 8: Gràfic que mostra l'evolució del nombre de morts. En vermell són les dades publicades pel Departament de Salut, i en negre l'estimació segons els simulador. El dia 1 equival al 20 de febrer de 2020, i l'últim dia simulat (dia 87) és el 17 de maig.

Tot i aquesta discrepància visible pel que fa al nombre de morts, es van obtenir resultats molt prometedors pel que fa al nombre d'infectats. El dia 13 de maig el Gobierno de España va publicar un estudi [21] on estimaven el nombre d'individus que havien superat la COVID-19 per a cada Comunitat Autònoma. Quant a Catalunya, es va publicar que, agafant un interval de confiança del 95%, aquest valor es trobava entre els 376.000 i els 529.000 individus. Estimant aquesta dada amb el simulador, després d'utilitzar el calibrat anterior, es va concloure que el dia 13 de maig hi havia 472.439 individus que havien superat la malaltia. El valor obtingut a partir del simulador està dins de l'interval publicat a l'estudi [21] i no només això, sinó que es troba molt proper a la mitjana. Això permet veure que el simulador funciona correctament, però que el calibrat s'ha de perfeccionar per tal que representi de manera més acurada l'evolució del nombre de morts.

Aquesta dada publicada pel Gobierno de España va sorprendre molt, ja que en estudis publicats prèviament s'estava dient que el nombre d'infectats era proper al 40% de la població.

En el gràfic de la *Figura 9* es pot veure l'evolució estimada, a partir del simulador amb el calibrat realitzat el dia 10 de maig, del nombre d'infectats.

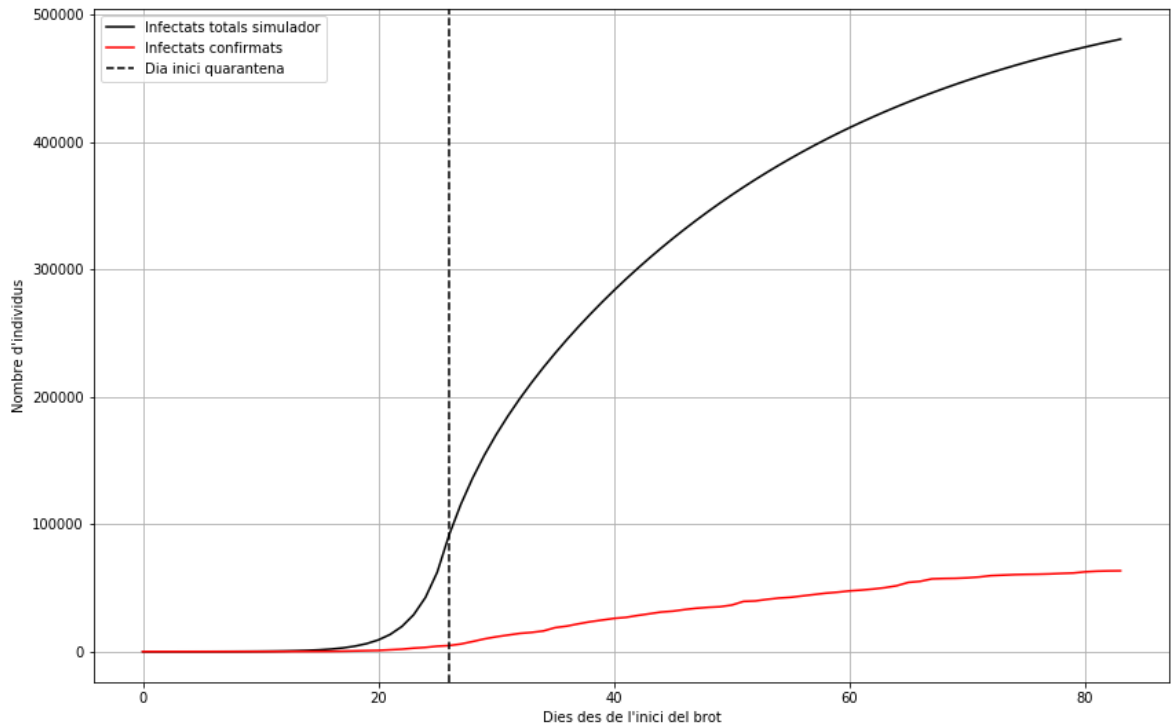


Figura 9: Gràfic que mostra l'evolució del nombre d'infectats. En vermell són les dades publicades pel Departament de Salut, i en negre l'estimació segons els simulador. El dia 1 equival al 20 de febrer de 2020, i l'últim dia simulat (dia 87) és el 17 de maig.

En aquest gràfic de la *Figura 9* es pot comprovar que el nombre de casos confirmats ha estat mínim i ens permet confirmar que hauria estat un error fer el calibrat a partir de les dades sobre els infectats diaris publicades pel Departament de Salut.

Posteriorment, es va decidir tornar a realitzar un calibrat d'aquests paràmetres, ja que es disposava de més dades referents al nombre de morts diaris. Aquest segon calibrat també serviria per veure si els paràmetres determinats anteriorment variaven molt dels actuals, cosa que faria pensar que el model és poc robust.

Aquest segon calibrat es va realitzar el 27 de maig i els resultats obtinguts van ser els següents:

Nombre d'infectats inicials = 4

$\beta_0 = 2.1406779$

$\beta_1 = 0.0838983$

A continuació es reproduïxen les gràfiques corresponents a aquest valor:

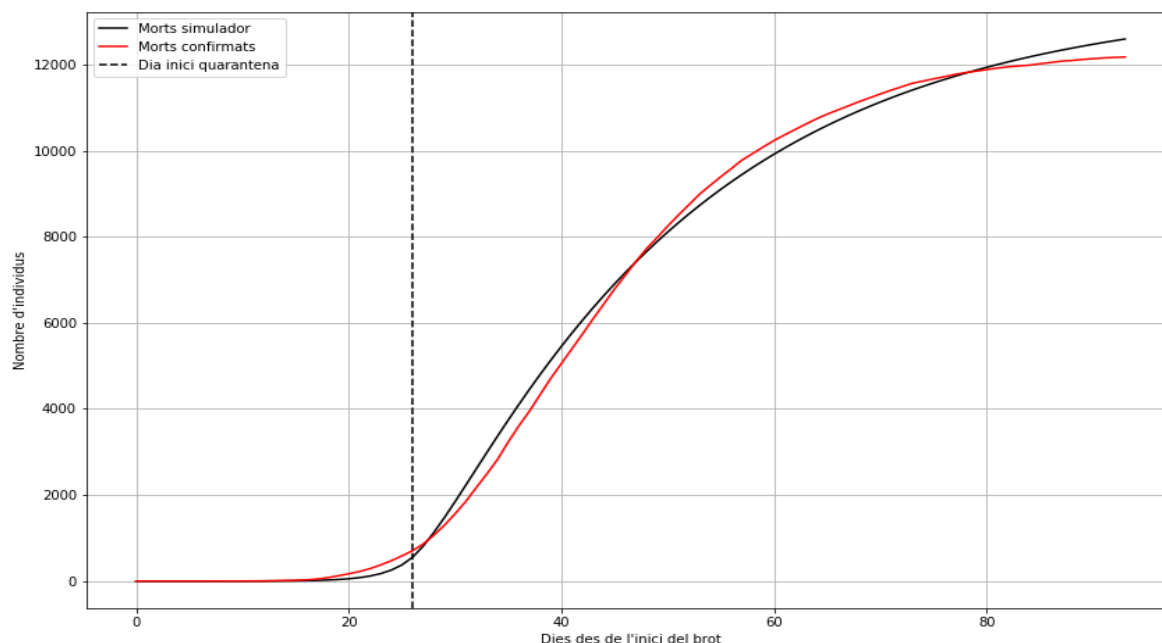


Figura 10: Gràfic que mostra l'evolució del nombre de morts. En vermell són les dades publicades pel Departament de Salut, i en negre l'estimació segons els simulador. El dia 1 equival al 20 de febrer de 2020, i l'últim dia simulat (dia 97) és el 27 de maig.

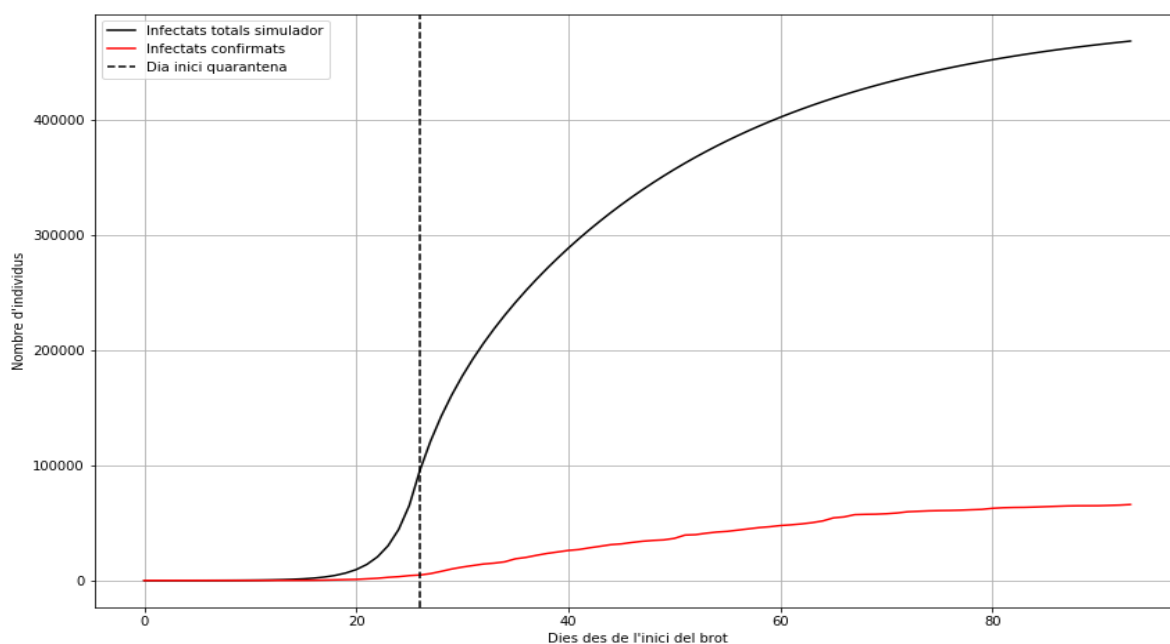


Figura 11: Gràfic que mostra l'evolució del nombre d'infectats. En vermell són les dades publicades pel Departament de Salut, i en negre l'estimació segons els simulador. El dia 1 equival al 20 de febrer de 2020, i l'últim dia simulat (dia 97) és el 27 de maig. En aquest calibrat el número d'infectats segons el simulador a dia 13 de maig és 450.329.

En el gràfic de la *Figura 10* es pot veure que en aquest segon calibrat la corba referent al nombre de morts estimats amb el simulador té una tendència molt semblant a les dades reals publicades pel Departament de Salut. Això permet demostrar que el model matemàtic treballa correctament i que el que determina si el simulador dóna els resultats correctes és el calibrat dels diferents paràmetres. Si aquest calibrat està ben fet, els resultats que obtindrem seran bons.

Pel que fa al valor de cadascun d'aquests paràmetres calibrats mitjançant iteracions: el nombre d'infectats inicials determinat és exactament igual al del primer calibrat realitzat el dia 10 de maig, pel que fa a les taxes de transmissió β_0 i β_1 , la taxa de transmissió prèvia a la quarantena ha crescut un 0.8% respecte del calibrat realitzat el 10 de maig i la taxa de transmissió posterior a la quarantena ha disminuït un 9% respecte de la determinada anteriorment.

El valor final del calibrat per cadascun dels paràmetres és el següent:

Nombre total d'individus	7600000	Temps d'incubació	5.1 dies
Nombre d'infectats inicials	4	Temps recuperació	7.3 dies
Percentatge d'individus asimptomàtics	0.46	Temps des dels primers símptomes fins la mort	8 dies
Taxa de transmissió, β_0	2.14068	Taxa de letalitat ajustada	0.051
Taxa de transmissió, β_1	0.08389	Dies inici del brot fins declaració de la quarantena	26

Taula 1: Valors definitius dels paràmetres del model

7.2. Comentari sobre els resultats obtinguts

L'objectiu d'aquest capítol és explicar el valor dels diferents paràmetres que s'han obtingut en el calibratge realitzat anteriorment i, posteriorment, comentar els resultats que s'han obtingut fent la simulació amb ells.

El calibratge ha estat el pas més complicat a l'hora de fer aquest simulador de la pandèmia, la inexistència de dades per determinar certs valors ha dificultat molt la feina. Hauria estat molt convenient determinar tots els paràmetres utilitzant només dades referents a Catalunya, i no haver d'utilitzar articles publicats a Itàlia o la Xina per poder fer aquest calibratge. El fet de disposar només del nombre de morts diaris ha fet que no es pugui assegurar el bon funcionament del simulador.

Al mateix temps, si s'hagués disposat de més informació referent a la pandèmia en territori català, paràmetres com per exemple el percentatge d'individus asimptomàtics, el temps des dels primer símptomes fins a la mort o la taxa de letalitat, haurien estat calibrats únicament per a aquest territori i els resultats obtinguts haurien estat més acurats.

A banda d'això, s'han aconseguit uns resultats que simulen prou bé l'evolució del nombre de morts i infectats que ha causat la COVID-19.

Centrant-nos ens els tres últims paràmetres que s'han determinat, pot sorprendre molt la taxa de transmissió β_0 , ja que el valor que s'ha trobat és molt elevat i, si a partir d'aquesta es calcula el número reproductiu bàsic R_0 , dona el valor següent:

$$R_0 = \frac{\beta_0}{\gamma} = \beta_0 \cdot T.\text{recuperació} = 15.626$$

En un primer moment pot sobtar que el número reproductiu bàsic sigui tan alt, però hi ha un parell de consideracions a realitzar que expliquen el perquè d'això. En el programa es considera només el nombre d'infectats inicials, que vindrien a ser els individus infectats que arriben a Catalunya el primer o segon dia des de l'inici del brot, en cap cas es consideren els individus infectats que arriben a Catalunya a partir d'aquell moment. Tenint en compte això, es pot estimar que el valor del nombre reproductiu bàsic és molt inferior a 15,6. Però que, per a compensar aquesta simplificació, la β_0 té un valor més elevat del que li correspondria.

Respecte del valor de la taxa de transmissió posterior a la quarantena β_1 , és molt interessant calcular el número reproductiu bàsic (R_0) d'aquest període. Anteriorment, s'havia comentat que una pandèmia havia de tenir un R_0 inferior a 1 per tal que no s'expandís; per tant, amb aquest valor podrem comprovar que això és així.

$$R_1 = \frac{\beta_1}{\gamma} = \beta_1 \cdot T.\text{recuperació} = 0.612$$

Aquí podem veure com, gràcies a la quarantena, el número reproductiu bàsic s'ha reduït dràsticament. S'ha aconseguit que el seu valor es trobi per sota de 1, fet vital per a evitar l'expansió de la pandèmia.

Pel que fa als resultats que s'han obtingut a partir d'aquestes dades destaquen sobretot els següents:

- S'estima que només el 6,4% dels individus (490.000) han estat infectats. Per tant, en cas d'un possible rebrot hi ha molt pocs individus immunitzats i l'evolució de la malaltia podria ser molt semblant a la viscuda aquests mesos. Es pot veure aquesta estimació en el gràfic de la *Figura 12*.

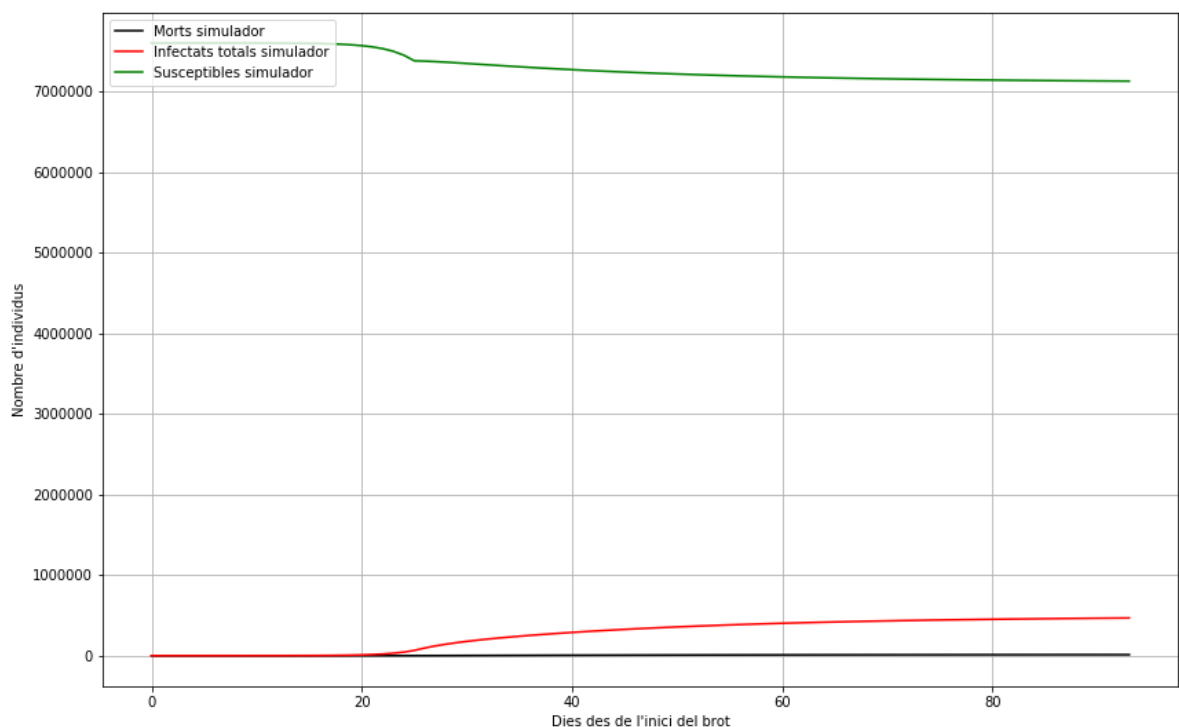


Figura 12: Gràfic que mostra l'evolució del nombre de morts, infectats acumulats i individus susceptibles segons el simulador. En vermell el nombre d'infectats acumulats, en negre el nombre de morts acumulats i en verd el nombre d'individus susceptibles. El dia 1 equival al 20 de febrer de 2020, i l'últim dia simulat (dia 97) és el 27 de maig.

- S'estima que el dia que hi va haver més individus infectats simultàniament va ser el 22 de març i que aquest valor era de 106.000 individus. A partir d'aquell dia el nombre d'individus infectats ha anat disminuint i a dia 27 de maig s'estima que aquest valor és de 8.400 individus. Es pot veure aquesta evolució en la *Figura 13*. Pot sorprendre molt que el pic d'infectats es donés tan tard respecte de l'inici de la quarantena, però s'ha de tenir en compte que aquesta malaltia té un període d'incubació de 5.1 dies, que ve a ser el temps des que l'individu s'infecta fins que se'l classifica dins el grup d'Infectats. Amb això es pot comprovar que el dia que més gent es va infectar va ser el dia anterior a l'inici de la quarantena.

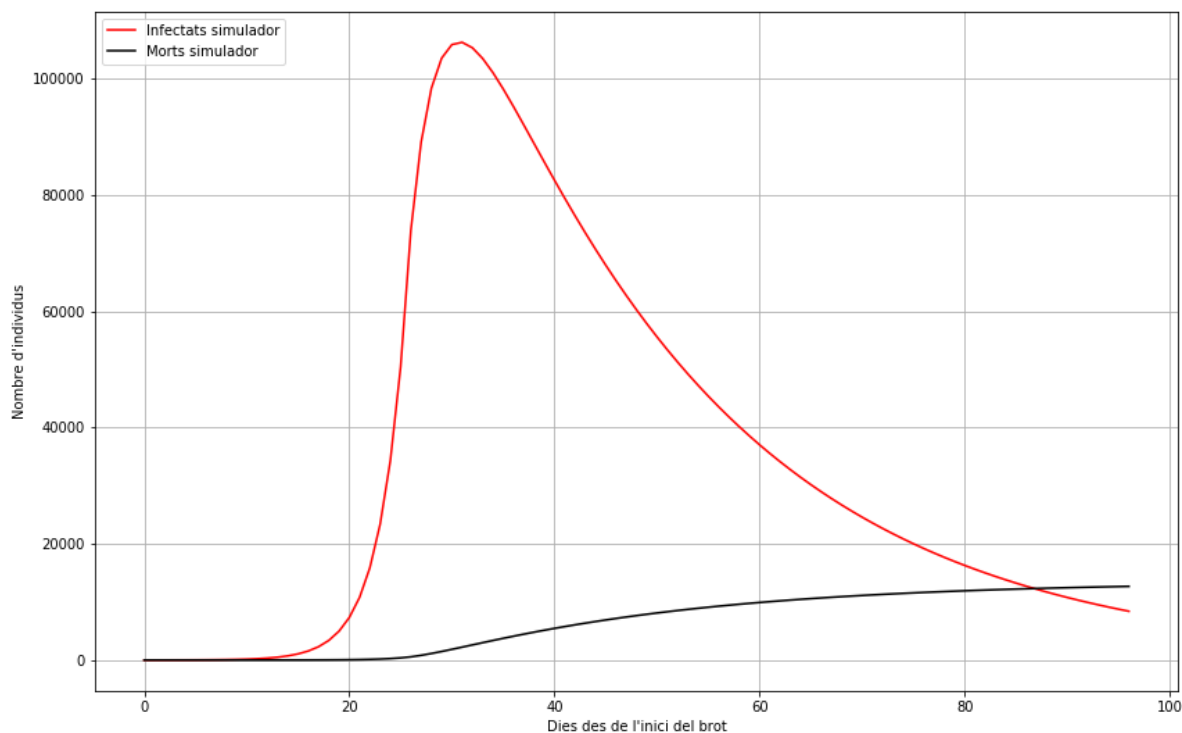


Figura 13: Gràfic que mostra l'evolució del nombre d'individus d'infectats i del nombre de morts acumulats segons el simulador. En vermell es representen els individus que estan infectats aquell dia, i en negre el nombre de morts acumulats. El dia 1 equival al 20 de febrer de 2020, i l'últim dia simulat (dia 97) és el 27 de maig.

7.3. Comprovació del model

Per tal de poder comprovar si el model funcionaria en cas d'un rebrot i, en conseqüència, si funciona adequadament, s'ha de veure si es poden obtenir bones estimacions quan ens trobàvem a l'inici del brot. S'ha constatat que aquestes estimacions seran correctes si el calibratge és correcte; per tant, el que s'ha de comprovar és si el programa és capaç de determinar els paràmetres que ha determinat quan es disposava de més dades.

Per fer això, es tornarà a realitzar el calibratge d'aquests tres últims paràmetres utilitzant les dades que hi havia disponibles el dia 28 de març i, posteriorment, es compararan els resultats obtinguts amb els reals. El programa utilitzat per a calibrar aquests paràmetres és el mateix que l'utilitzat anteriorment, el qual iterava diferents valors i calculava per quin d'ells la corba resultant era més semblant a la corba referent al nombre de morts diaris.

En fer això, obtenim els següents valors per a cadascun d'aquests paràmetres:

Nombre d'infectats inicials = 44

$\beta_0 = 1.3230769$

$\beta_1 = 0.0602564$

Les gràfiques obtingudes amb aquests valors del calibratge, realitzat amb les dades del dia 28 de març, i sobreposats amb les dades reals, de fins al dia 17 de maig, són els següents:

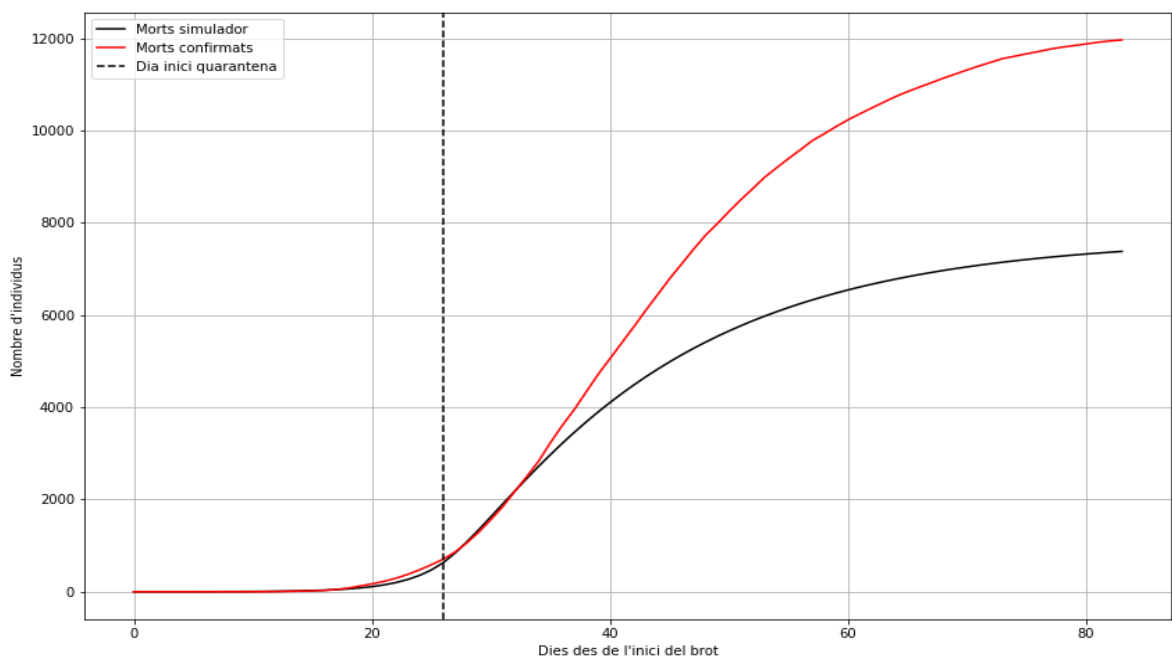


Figura 14: Gràfic que mostra l'evolució del nombre de morts. En vermell són les dades publicades pel Departament de Salut, i en negre l'estimació segons els simulador. El dia 1 equival al 20 de febrer de 2020, i l'últim dia simulat (dia 87) és el 17 de maig. Per fer el calibratge d'aquests paràmetres s'han utilitzat les dades disponibles a dia 28 de març (dia 38).

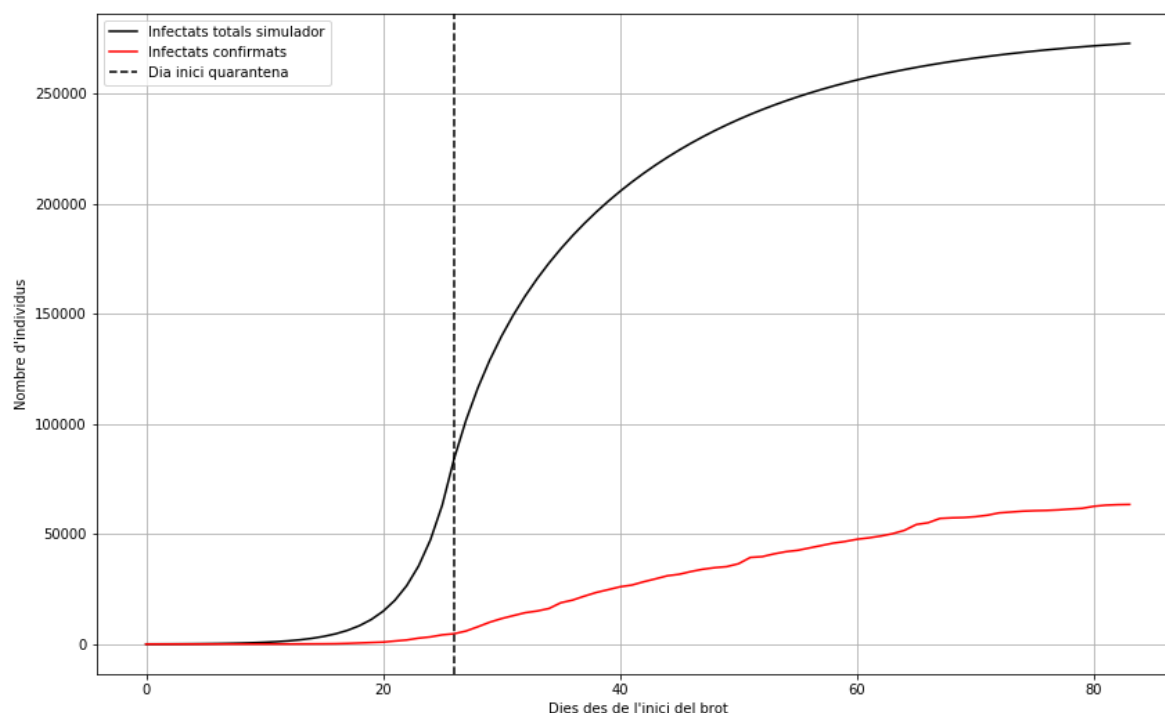


Figura 15: Gràfic que mostra l'evolució del nombre d'infectats. En vermell són les dades publicades pel Departament de Salut, i en negre l'estimació segons els simulador. El dia 1 equival al 20 de febrer de 2020, i l'últim dia simulat (dia 87) és el 17 de maig. Per fer el calibrat d'aquests paràmetres s'han utilitzat les dades disponibles a dia 28 de març (dia 38).

A les gràfiques de les *Figura 14* i *Figura 15* es pot veure que els paràmetres que ha calculat el programa descriuen correctament l'evolució de la pandèmia els primers dies, però, a mesura que estima el seu avenç, s'allunya molt dels valors que hauria de tenir.

Per explicar aquesta diferència, es comentaran els valors dels diferents paràmetres: tant el nombre d'infectats inicials com la taxa de transmissió prèvia a la quarantena (β_0) són molt diferents respecte del valor que s'havia determinat per a cadascun d'ells quan s'utilitzaven les dades disponibles fins el dia 27 de maig. Però, es pot veure que, tot i utilitzar valors tant diferents, l'evolució inicial de la pandèmia queda ben representada, ja que en augmentar el nombre d'infectats inicials i disminuir la β_0 , el nombre d'individus que s'infecten diàriament els primers dies del brot és molt semblant i segueix la mateixa tendència.

El problema el trobem amb la taxa de transmissió β_1 , que també ha disminuït molt. Això fa que el simulador no predigui correctament l'evolució dels dies en què hi ha quarantena i el nombre de morts simulat quedi molt per sota de les dades reals.

Si ens fixem en els altres valors possibles que determina el programa per a aquests tres paràmetres, es pot comprovar que el valor de la taxa de transmissió β_1 varia molt, aquest no està acotat entre cap interval. Això passa perquè el programa no es capaç de detectar quin és el valor correcte per a representar l'evolució de la pandèmia.

L'explicació d'això es senzilla, el programa no disposa de suficients dades per calibrar el valor d'aquest paràmetre. S'ha de tenir en compte que la quarantena és va declarar el dia 26 des de l'inici del brot (16 de març) i que estem calibrant aquest paràmetre amb les dades dels 35 primers dies (fins al 28 de març). Si, a més, és té en compte que les dades referents al nombre de morts van endarrerides 8 dies (temps des que els individus tenen els primers símptomes fins a la mort) respecte les dels infectats, el programa té un marge de només un dia per determinar aquest valor. Amb aquest únic valor no és capaç de determinar la correcta evolució de la pandèmia.

Vist això, queda clara la impossibilitat de calibrar el model quan es disposa de tant poques dades.

Arribats a aquest punt, s'han volgut comprovar si seria possible realitzar un bon calibratge per al cas hipotètic que també es disposés del nombre d'infectats diaris.

Anteriorment, s'ha vist que el nombre d'infectats diaris publicat pel Departament de Salut [19] no és l'adequat i que utilitzar-lo seria un error, realitzar el calibratge amb aquestes dades portaria resultats més erronis que els que s'han obtingut i, per tant, no les podem utilitzar per fer aquest pas. Per resoldre això, s'ha decidit que es suposarà que l'evolució del nombre d'infectats reals segueix la mateixa evolució que el nombre d'infectats determinat mitjançant el calibratge de la *Taula 1* ja que es creu que aquestes dades tenen més sentit que les del Departament de Salut.

Ara caldrà que el programa calculi el quadrat de la diferència per les dues corbes, la referent al nombre de morts diaris i la del nombre d'infectats diaris. Per tant, s'haurà de modificar el codi utilitzat al capítol 7.1.6 per tal que tingui això en compte. Un cop realitzades les modificacions, el programa encarregat de fer aquestes iteracions queda de la següent manera:

#Inicialitzar dades

Dif_total_bo=10000000

#Obrir i ordenar les dades oficials Generalitat de Catalunya

bddd = pd.read_excel (r'dadesCOVIDcat28_03.xlsx')

bddd_sort = bddd.sort_index(ascending=False)

dades=bddd_sort.reset_index()

I_dades=dades['Total casos confirmats']

M_dades=dades['Total defuncions']

#Iteració sobre els tres paràmetres

for inf_inicial in np.linspace(1,50,40,dtype=int):

for beta0 in np.linspace(1.7,2.2,60):

for beta1 in np.linspace(0.05,0.15,60):

#Ús d'una funció modificada de l'esmentada anteriorment al capítol 6.3 per tal que la iteració sigui més eficient.

(M_acu, I_acu) = COVID_s(7600000, inf_inicial, 0.46, beta0, 5.1, 7.3, 8, 0.051, beta1, 26, 34)

dfM = pd.DataFrame({'Morts confirmats': M_dades, 'Morts simuladors': M_acu})

dfI = pd.DataFrame({'Infectats confirmats': I_dades, 'Infectats simuladors': I_acu})

#Càlcul del quadrat de la diferència entre els valors reals i els simulats

dfM['Dif'] = (df['Morts confirmats'] - df['Morts simuladors'])**2

dfI['Dif'] = (df['Infectats confirmats'] - df['Infectats simuladors'])**2

Dif_total = dfM['Dif'].sum() + (dfI['Dif'].sum())/100

#Emmagatzemar els paràmetres que donen millors resultats

if Dif_total < Dif_total_bo:

Dif_total_bo = Dif_total

inf_inicial_bo = inf_inicial

beta0_bo = beta0

beta1_bo = beta1

#Mostrar els valors determinats

print(Dif_total_bo, inf_inicial_bo , beta0_bo , beta1_bo)

I els resultats obtinguts són els següents:

Nombre d'infectats inicials = 4

$\beta_0 = 2.1410256$

$\beta_1 = 0.0833333$

Es pot comprovar que els valors són molt semblants als del calibrat del capítol 7.1.6. (Nombre d'infectats inicials = 4, $\beta_0 = 2.14067796$, $\beta_1 = 0.08389830$).

Tot i que una part de les dades que s'han utilitzat per determinar aquest valors les hem obtingut a partir d'aquell calibratge i, per tant, és lògic que ens surtin valors semblants, amb això és volia comprovar que el valor β_1 s'hagués pogut determinar si s'haguessin disposat més dades. A més, ens ha servit per comprovar que per fer aquest calibratge de manera adequada no en tenim prou amb les dades referents al nombre de morts diaris, sinó que també és necessari tenir les del nombre d'infectats.

Arribats a aquest punt, cal deixar constància de la importància de disposar de dades per poder fer aquestes prediccions. Sovint, la presa i la publicació d'aquestes dades es incòmode i no se li acaba de veure la utilitat. S'hauria de convèncer a la població de la importància que tenen aquestes dades a l'hora de poder prendre decisions i estudiar els diferents comportaments i escenaris de la pandèmia.

En el nostre cas, s'ha pogut comprovar que en cas d'un rebrot o d'una pandèmia similar, és necessari tenir més estimacions i dades del nombre d'infectats diaris. Sense aquestes dades és molt complicat poder predir l'evolució que seguirà la pandèmia.

S'ha vist que, degut a la inexistència d'algunes dades i als errors que hi ha a les que s'han publicat, les estimacions que s'han fet sobre la pandèmia han estat totes equivocades. Això no és degut a que tots els científics hagin utilitzat models erronis, sinó que no han pogut calibrar-los amb la precisió necessària, o bé que ho han fet amb dades que no explicaven bé la pandèmia que s'estava simulant.

A més, el fet de disposar de més dades hauria fet que s'hagués actuat amb més velocitat, si s'hagués sabut la taxa de contagi de la malaltia s'hauria iniciat la quarantena abans. I en el cas de la pandèmia en què ens trobem, declarar la quarantena un dia abans hauria canviat de manera dràstica l'evolució d'aquesta i tant el nombre d'infectats com el nombre de defuncions hagués estat molt inferior.

7.4. Què hauria passat si...?

Aquest capítol està basat en hipòtesis molt bàsiques. Les prediccions que s'hi fan no es poden interpretar al peu de la lletra, ja que, en variar la situació de certs paràmetres a l'hora de plantejar diferents situacions, també varien la dels altres. A més, hi ha factors, com per exemple el nivell de quarantena de la població depenen del moment en què es fa efectiva, que no són possibles de comprovar. Per tant, tots els resultats que s'hi obtenen són simples suposicions.

Tot i això, es creu que és interessant visualitzar els possibles escenaris en els quals ens podríem haver trobat i, per això, s'ha decidit afegir aquest capítol al treball.

Per poder plantejar aquests escenaris es considerarà que tots els paràmetres romanen constants menys el que es decideix modificar, en aquest cas el dia en què es va iniciar la quarantena. Això també ens permetrà veure la influència d'aquest paràmetres en l'evolució de la pandèmia.

A continuació, s'aniran plantejant les diverses situacions i es visualitzarà l'evolució de la pandèmia en cadascuna d'elles. Per tal de visualitzar millor aquesta evolució, es compararan els resultats obtinguts en fer la suposició pertinent, amb els resultats que s'han obtingut amb el calibratge explicat al capítol 7.1.

7.4.1. La quarantena s'hagués declarat una setmana més tard

En aquesta primera situació el que es vol veure és l'evolució que hauria tingut la pandèmia en el cas que la quarantena hagués començat una setmana més tard. Així, es podrà tenir una idea de la magnitud que la mateixa hauria tingut si s'hagués actuat amb més lentitud.

Pel que fa al nombre d'individus infectats, es pot veure aquest hauria augmentat de manera descontrolada durant els primers dies. S'haurien infectat al voltant de l'òctupla dels individus que s'han infectat, en altres paraules, hi hauria vuit vegades més infectats dels que hi ha hagut. Això equival a que aproximadament el 50% de la població de Catalunya hauria estat infectada. Es pot veure aquesta evolució en el gràfic de la *Figura 16*.

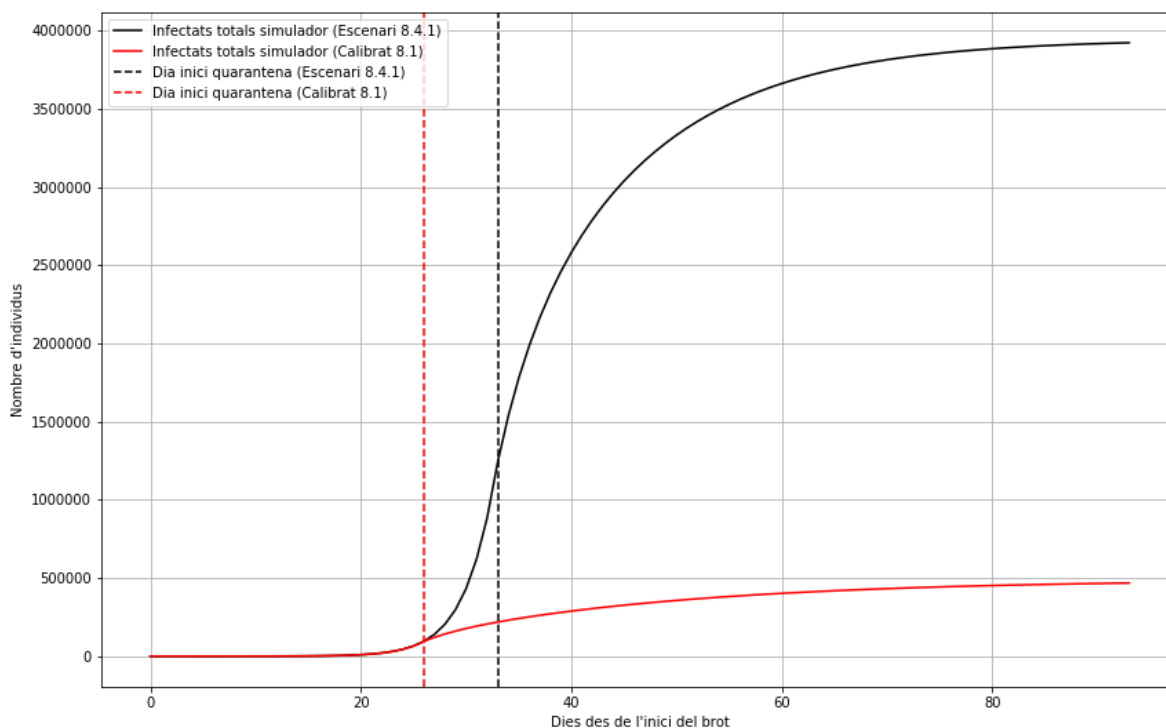


Figura 16: Gràfic que mostra l'evolució del nombre d'infectats. En vermell són les dades obtingudes per simulació utilitzant el calibrat del capítol 7.1, i en negre l'estimació segons el simulador d'aquesta nova situació on es va tardar una setmana més en fer efectiva la quarantena. El dia 1 equival al 20 de febrer de 2020, dia d'inici del brot. El dia 26 (marcat amb una línia discontinua vermella) equival al dia 16 de març, dia en que es va declarar la quarantena. El dia 33 (marcat amb una línia discontinua negra) equival al 23 de març, dia en que s'aplica la quarantena en aquest escenari.

Es pot preveure que el nombre d'individus infectats no hauria estat l'única cosa que hauria augmentat de manera dràstica. En la gràfica de la *Figura 17* es veu que el nombre de defuncions també hauria augmentat molt, més d'un 700%. A més, s'ha de tenir present que el simulador no té en compte la capacitat del sistema sanitari i que, en la situació real, aquest ja estava desbordat. Per tant, es pot concloure que si la pandèmia hagués assolit aquestes dimensions el nombre de defuncions hagués estat més gran que el determinat pel simulador en aquest escenari.

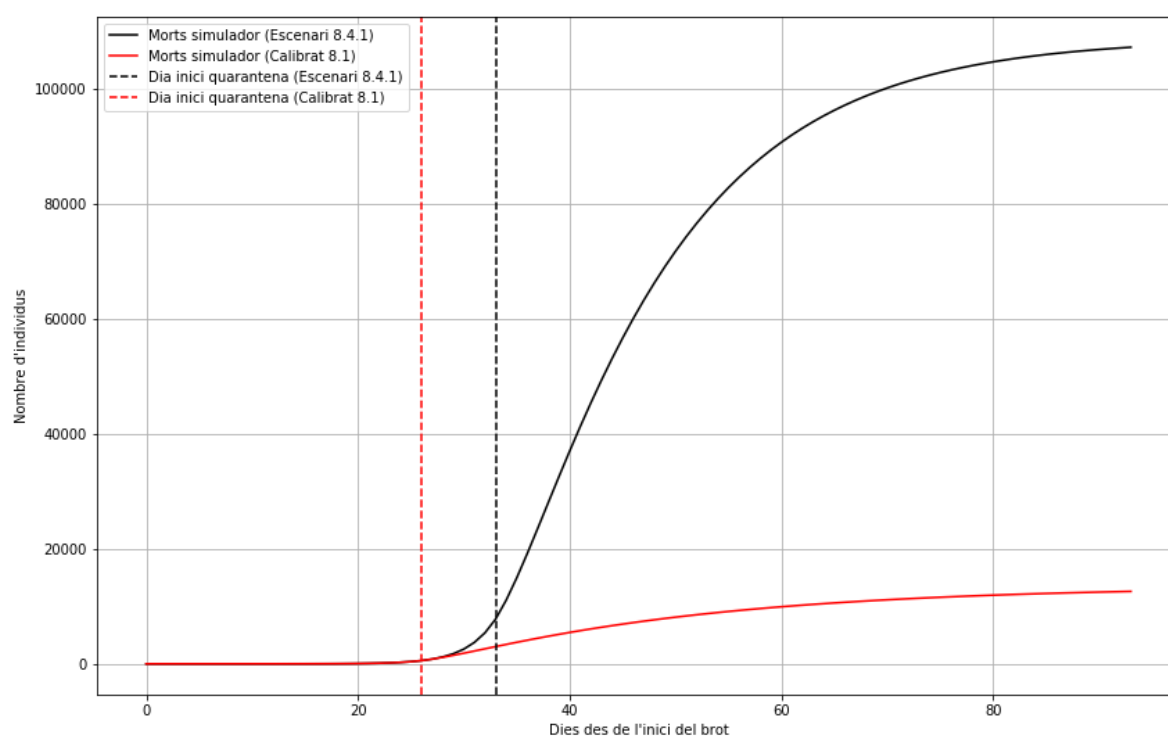


Figura 17: Gràfic que mostra l'evolució de les defuncions. En vermell són les dades obtingudes per simulació utilitzant el calibrat del capítol 7.1, i en negre l'estimació segons els simulador d'aquesta nova situació on es va tardar una setmana més en fer efectiva la quarantena. El dia 1 equival al 20 de febrer de 2020, dia d'inici del brot. El dia 26 (marcat amb una línia discontinuada vermella) equival al dia 16 de març, dia en que es va declarar la quarantena. El dia 33 (marcat amb una línia discontinuada negra) equival al 23 de març, dia en que s'aplica la quarantena en aquest escenari.

7.4.2. La quarantena s'hagués declarat una setmana abans

En aquesta segona situació és pot veure com hauria evolucionat la pandèmia si s'hagués actuat amb molta velocitat. Aquesta situació es podria haver donat si Catalunya no hagués estat dels primers territoris a Europa en tenir el brot o si hi hagués hagut més informació sobre com estava afectant la malaltia a la Xina.

Anteriorment, ja s'ha comentat que tots els resultats que s'obtenen en aquest capítol són hipotètics, perquè hi ha factors que haurien variat. En aquesta situació, el fet de declarar la quarantena una setmana abans, quan el nombre d'infectats i defuncions era encara molt baix, hauria fet que la gent no estigués tan conscienciada del perill de la malaltia. Això s'hauria vist

reflectit en un augment de la taxa de transmissió, ja que no s'haurien respectat les mesures implementades.

Igual que en la situació anterior, es començarà veient l'evolució que hi hauria hagut del nombre d'individus infectats. En la gràfica de la *Figura 18* es pot veure com la quantitat d'individus que hauria estat en contacte amb la malaltia hauria estat mínim. S'estima que s'hauria infectat menys d'una desena part dels individus que s'han infectat. A més, es pot veure com en cap moment hi hauria hagut una gran pujada d'aquest nombre. La pandèmia hauria estat controlada en tots els instants i la quarantena hauria durat poques setmanes.

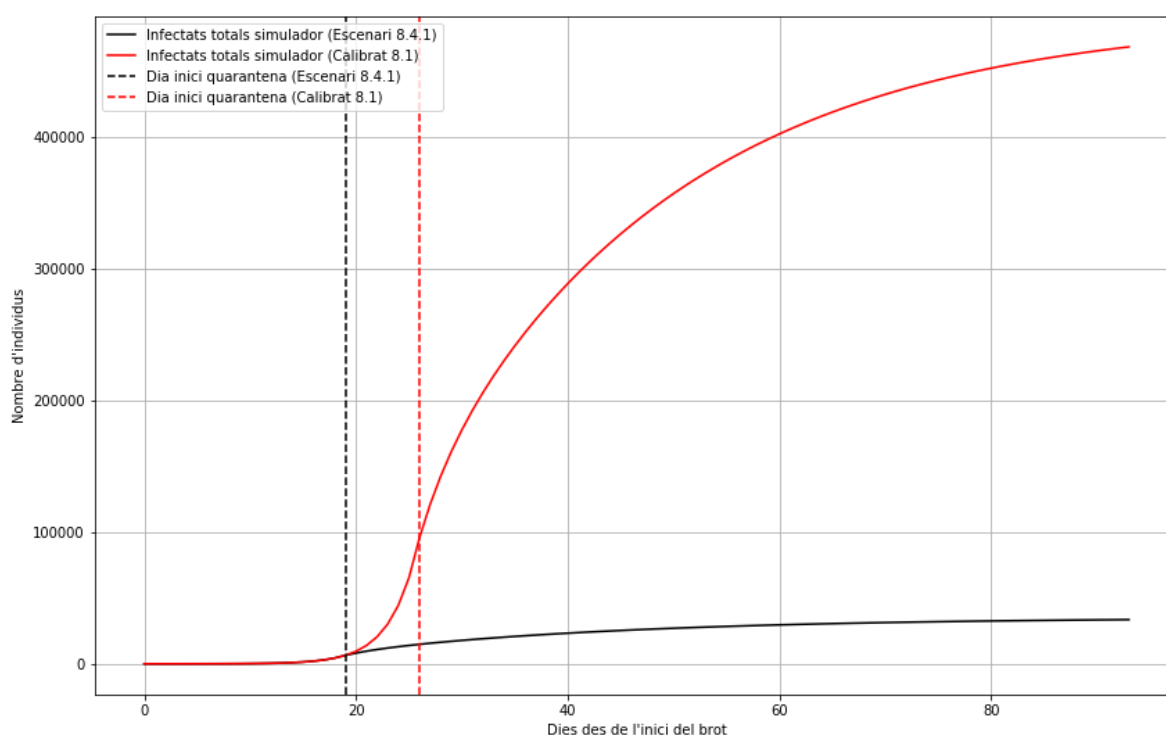


Figura 18: Gràfic que mostra l'evolució del nombre d'infectats. En vermell són les dades obtingudes per simulació utilitzant el calibrat del capítol 7.1, i en negre l'estimació segons el simulador d'aquesta nova situació on es va tardar una setmana més en fer efectiva la quarantena. El dia 1 equival al 20 de febrer de 2020, dia d'inici del brot. El dia 19 (marcat amb una línia discontinuïta negra) equival al 9 de març, dia en que s'aplica la quarantena en aquest escenari. El dia 26 (marcat amb una línia discontinuïta vermella) equival al dia 16 de març, dia en que es va declarar la quarantena.

Referent a l'evolució del nombre de morts, es pot intuir que si el nombre d'infectats hagués estat mínim, el nombre de morts hauria seguit la mateixa evolució. Es pot veure en la gràfica de la *Figura 19*, com aquest nombre es trobaria per sota del miler.

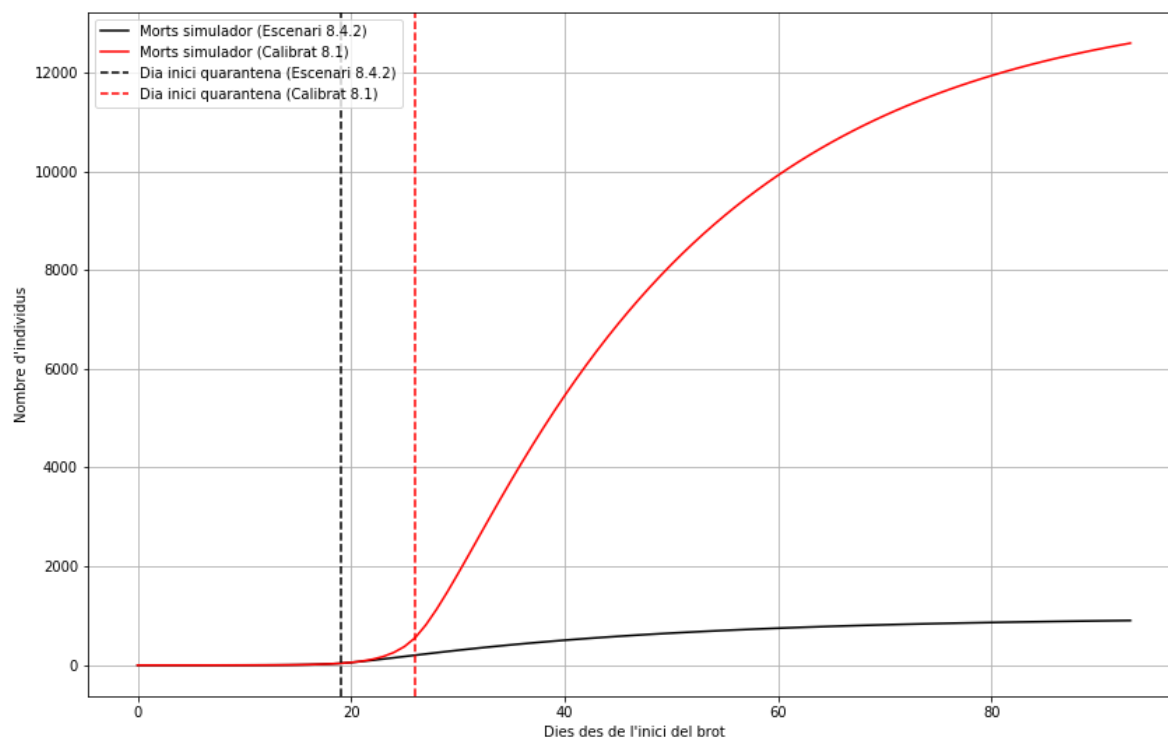


Figura 19: Gràfic que mostra l'evolució de les defuncions. En vermell són les dades obtingudes per simulació utilitzant el calibrat del capítol 7.1, i en negre l'estimació segons els simulador d'aquesta nova situació on es va tardar una setmana més en fer efectiva la quarantena. El dia 1 equival al 20 de febrer de 2020, dia d'inici del brot. El dia 19 (marcat amb una línia discontinuïta negra) equival al 9 de març, dia en que s'aplica la quarantena en aquest escenari. El dia 26 (marcat amb una línia discontinuïta vermella) equival al dia 16 de març, dia en que es va declarar la quarantena.

Conclusions

En fer aquest treball s'han anat trobant diferents aspectes que considerem que és convenient comentar.

Amb la intenció que aquesta part estigui ben estructurada, s'ha decidit organitzar les conclusions en el mateix ordre que està estructurat el treball. Primer, s'explicaran les conclusions que s'han extret de la primera part del treball, referents a la utilització dels diferents models matemàtics per estudiar l'evolució de les pandèmies i a com es realitza el calibratge d'aquests. En segon lloc, es comentaran les conclusions a les quals s'ha arribat quan s'han vist els resultats obtinguts amb el calibratge de la *Taula 1*. Per últim, es comentaran les conclusions referents a com s'hauria d'actuar davant una pandèmia similar i quins errors s'han comès en aquesta que hem passat.

Per tant, seguint l'ordre establert, començarem per comentar els aspectes referents als models matemàtics i al calibratge dels paràmetres. En aquests capítols s'han detectat un seguit de qüestions: s'ha pogut comprovar que els models matemàtics donen bons resultats, que els sistemes d'equacions que s'utilitzen per a descriure les epidèmies funcionen correctament i que l'estudi mitjançant models compartimentals és fiable i que, a més, és senzill interpretar els seus resultats. Alhora, s'ha vist que definir aquests models no és una tasca senzilla. S'ha d'aconseguir que els mateixos incorporin només els aspectes significativament importants de la situació real, ja que incorporar-ne masses fa que el model hagi de contenir molts paràmetres, quan s'ha constatat que una major quantitat de paràmetres no implica que els resultats obtinguts siguin més precisos. La impossibilitat d'incorporar tots aquests aspectes de la situació real en els models fa que els resultats obtinguts amb ells no siguin mai exactes, ja que no aconsegueixen captar tota la realitat. Però, tot i així, aquests resultats ens poden ajudar a preveure la dinàmica que seguirà la pandèmia i a plantejar diferents escenaris en els quals ens podem trobar. Són una eina molt útil que ens pot ajudar a l'hora de prendre decisions i entendre la dimensió de la pandèmia.

També, s'ha comprovat que el pas més complicat i més determinant de cara a obtenir bons resultats és el calibratge dels paràmetres que apareixen al model. S'ha vist que per fer aquests calibratges es necessita una gran quantitat de dades i que, sovint, aquestes dades no estan disponibles. Això ha servit per a confirmar un dels aspectes comentats anteriorment, els models que incorporen masses equacions i paràmetres acostumen a donar pitjors resultats, ja que hi ha paràmetres que no es poden determinar amb facilitat i el valor que se'ls acaba assignant no és l'adequat. Aquest paràmetre el valor del qual no és possible determinar farà que els resultats obtinguts siguin erronis i que les conclusions que extraïem a partir d'ells estiguin equivocades. Segurament, si no s'introduís aquest paràmetre al model no estariem perdent informació transcendental de la pandèmia.

Respecte dels resultats que s'han obtingut amb el calibratge de la *Taula 1*, ha sorprès que les estimacions realitzades amb el simulador coincidissin amb els resultats publicats a l'estudi fet pel Gobierno de España [21] i, sobretot, que tots dos estudis estimessin valors tan propers. Es creu que això mostra que s'ha aconseguit trobar els paràmetres adequats per tal que el model representi correctament l'evolució de la COVID-19 a Catalunya i, per tant, que els resultats obtinguts són correctes.

A l'hora de realitzar el calibratge per a obtenir aquests resultats, s'ha trobat a faltar l'existència de més informació sobre la malaltia. El fet d'haver d'utilitzar estudis i articles externs genera certa intriga pel que fa a haver de confiar que els resultats publicats en ells són correctes i que aquests resultats són els mateixos per al territori que s'està estudiant.

Tot i així, s'han pogut fer les simulacions pertinents i s'ha vist que els resultats mostren que molt poca gent ha superat la malaltia, tan sols un 6,4% del total de la població de Catalunya ha generat anticossos. Això fa que el perill d'un rebrot sigui molt elevat, degut a que no hi ha suficients individus que puguin actuar com a barrera. En conseqüència, en haver-hi tant poca gent que ha desenvolupat immunitat a la malaltia, es pot veure que en cas d'un rebrot, l'evolució que tindrà la pandèmia serà molt semblant a la viscuda i, per tant, el nombre d'infectats tornaria a augmentar de manera descontrolada durant els primers dies del nou brot.

Per últim, respecte de com s'hauria d'actuar si hi hagués una pandèmia similar o un rebrot de la COVID-19, s'han pogut comprovar un seguit de qüestions: s'ha vist que s'ha de confiar en el que diuen els experts i que, per poder tenir les recomanacions d'aquests, és necessari poder subministrar-los dades i informació sobre la malaltia. S'ha vist que en el cas d'una pandèmia com aquesta, actuar un dia abans pot marcar la diferència i que això pot canviar dràsticament el desenvolupament i l'evolució que segueixi a partir d'aquell moment. El fet de no actuar amb rapidesa pel desconeixement del moment en què ens trobem pot acabar causant que la "normalitat" trigui molt més a arribar.

Centrant-nos en les qüestions referents a les dades sobre la malaltia, s'ha comprovat la importància de disposar d'elles. S'ha vist al capítol 7.3 que els resultats i estimacions que s'obtenen poden estar molt equivocats i poden portar a interpretacions errònies quan es la informació és tan escassa. Seguint en el mateix tema, han cridat molt l'atenció els resultats que han estat publicats en els diferents estudis realitzats per les millors universitats. S'ha vist que en tots ells es publiquen estimacions molt diferents i que no coincideixen en cap aspecte. Després, quan s'han estudiat els models que s'han utilitzat per a fer aquestes estimacions, s'ha vist que tots ells són vàlids i que tots representen els aspectes significativament més

importants de la pandèmia. El problema arribava quan es calibraven aquest models, les dades que utilitzava cada estudi eren diferents, ja que cadascun d'ells feia alguna suposició diferent sobre les dades que es publicaven des dels governs. Des d'un primer moment es va tenir present que aquestes dades eren errònies i, per tant, s'havia de trobar la manera de poder corregir-les i extreure informació d'elles. Aquestes suposicions van causar que les estimacions no fossin correctes i que les conclusions a les quals s'arribaven no coincidissin. El fet d'haver disposat d'una bona base de dades hauria resolt aquest problema, no hauria estat necessari realitzar suposicions i hauria fet que els diferents estudis publicats arribessin a resultat més semblants.

També, s'ha vist que és impossible detectar tots els casos d'individus infectats, que el sistema sanitari no té les eines suficients per a realitzar tests de forma massiva a la població per detectar la magnitud i l'evolució de la pandèmia. Però a partir d'això, s'ha pogut comprovar com aquests valors es poden estimar d'altres maneres. Tornant al tema anterior, s'ha vist que si es disposés de la informació i les dades referent a les característiques de la malaltia, hi ha models que permeten detectar el percentatge d'individus infectats. El problema és el mateix que el referit anteriorment, es necessiten més dades i aquestes dades han d'estar més complertes que les que s'han publicat durant aquesta pandèmia. A banda del nombre d'individus infectats i del nombre de defuncions diàries, cal més informació. És necessari saber el nombre de tests que s'han realitzat per així poder tenir una estimació del nombre d'individus asimptomàtics, es necessita saber el temps que està cada pacient ingressat per poder estimar el valor de la taxa de recuperació... Tota aquesta informació que en un principi pot semblar que no és rellevant, pot ajudar als científics a modelar millor la pandèmia i a que els resultats obtinguts siguin més precisos.

A més, un altre error molt recurrent ha estat el fet que els propis països no mostrin la informació amb claredat, les dades que es publiquen estan retocades per tal d'amagar el màxim el nombre de defuncions que s'estan produint. Un exemple d'això el trobem a les dades que està publicant durant el mes de juny el Gobierno de España. Diàriament s'informa que el nombre de morts en territori espanyol és molt baix, però si es mira detalladament el text que apareix en el document es pot veure que només compten els morts que s'han notificat aquell mateix dia. Tenint present que sovint les defuncions tarden 1 o 2 dies en ser notificades, es veu que estan donant una informació falsa. El problema és que en cap altre lloc s'informa d'aquestes defuncions i això pot donar la sensació que el virus està totalment extingit, quan no és així.

Per acabar, es necessari que hi hagi més transparència entre països, que tots ells utilitzin els mateixos mecanismes a l'hora d'obtenir les dades i que tots segueixin els mateixos patrons a l'hora de classificar-les. La informació que es pot extreure, prenent aquestes mesures, pot marcar la diferència.

Bibliografia

Referències bibliogràfiques

- [1] GRAN ENCICLOPÈDIA CATALANA. [<https://www.enciclopedia.cat/ec-gec-0103563.xml>], Data de consulta: 20/03/2020].
- [2] O. Diekmann, H. Heesterbeek, i T. Britton. *Understanding Infectious Disease Dynamics. Princeton Series in Theoretical and Computational Biology*. Princeton University Press, 2013.
- [3] K Mizumoto, K Kagaya, A Zarebski, and G Chowell. *Estimating the asymptomatic proportion of coronavirus disease 2019 (COVID-19) cases on board the Diamond Princess cruise ship, Yokohama, Japan 2020*. Euro Surveill, 2020.
- [4] Phil Stewart i Idrees Ali. *Most cases aboard U.S. aircraft carrier are symptom-free*. (16 abril de 2020). Data de consulta: 2 de maig de 2020
[https://mobile.reuters.com/article/amp/idUSKCN21Y2GB?fbclid=IwAR09bW-Bwv_TbB0H6mndmPJVupq7qO0hgxmXvNQoTkbyS3ssyKl0wDwz-Mq&_twitter_impression=true]
- [5] Guan WJ, Ni ZY i Hu Y. *Clinical characteristics of 2019 novel coronavirus infection in China*. medRxiv, 9 de febrer de 2020.
- [6] Lauer SA, Grantz KH, Bi Q, et al. *The Incubation Period of Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) From Publicly Reported Confirmed Cases: Estimation and Application*. Ann Intern Med. 2020.
- [7] Robert Verity, Lucy C Okell, Ilaria Dorigatti, Peter Winskill, Charles Whittaker i Natsuko Imai. *Estimates of the severity of coronavirus disease 2019: a model-based analysis*. The Lancet, 30 de març de 2020.
- [8] Lavezzo E, Franchin E, Ciavarella C, Cuomo-Dannenburg G, Barzon L, Del Vecchio C, et al. *Suppression of COVID-19 outbreak in the municipality of Vo, Italy*. medRxiv, 2020.
- [9] T. Liu, J. Hu, M. Kang, L. Lin, H. Zhong, J. Xiao, et al. *Transmission dynamics of 2019 novel coronavirus*. bioRxiv, 2020.
- [10] Organization W.H.. *Report of the WHO-China Joint Mission on Coronavirus Disease 2019*. [<https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/who-china-joint-mission-on-covid-19-final-report.pdf>]; 2020.

- [11] Kelvin Kai-Wang To, Owen Tak-Yin Tsang, Wai-Shing Leung, Anthony Raymond Tam. *Temporal profiles of viral load in posterior oropharyngeal saliva samples and serum antibody responses during infection by SARS-CoV-2: an observational cohort study*. The Lancet, maig de 2020.
- [12] Enrico Lavezzo, Elisa Franchin, Constanze Ciavarella. *Suppression of COVID-19 outbreak in the municipality of Vo, Italy*. Febrer de 2020
- [13] Wenqing He, Grace Y. Yi, Yayuan Zhu. *Estimation of the basic reproduction number, average incubation time, asymptomatic infection rate, and case fatality rate for COVID-19: Meta-analysis and sensitivity analysis*. Abril de 2020
- [14] ISTITUTO SUPERIORE DI SANITÀ. *Task force COVID-19*. 30 de març de 2020
- [15] Harry Steves. *Why outbreaks like coronavirus spread exponentially, and how to “flatten the curve”*. The Washington Post (14 de març de 2020). [<https://www.washingtonpost.com/graphics/2020/world/corona-simulator/> , 25 d'abril de 2020]
- [16] MRES. *Epidemic Simulation*. [<https://scratch.mit.edu/projects/376656449/> , 26 d'abril de 2020]
- [17] Gabriel Goh, *Epidemic Calculator* [<http://gabgoh.github.io/COVID/index.html>], 26 d'abril de 2020]
- [18] Alison Hill. *Modeling COVID-19 Spread vs Healthcare Capacity*. [<https://alhill.shinyapps.io/COVID19seir/> , 27 d'abril de 2020]
- [19] IDESCAT. *Base de dades dels casos confirmats i casos possibles de COVID-19*. [<https://www.idescat.cat/indicadors/?id=anuals&n=13300>]
- [20] Meritxell Hernández i Patricia Álvarez. *Creixement diari de morts per coronavirus a Catalunya en xifres absolutes*. Betevé (28 de maig de 2020). [<https://beteve.cat/societat/corba-coronavirus-catalunya/> , 28 de maig de 2020]
- [21] GOBIERNO DE ESPAÑA I INSTITUTO DE SALUD CARLOS III. *Estudio ENE-COVID19: primera ronda. Estudio nacional de sero-epidemiología de la infección por SARS-COV-2 en España*. 13 de maig de 2020.

Bibliografia complementària

INFORMACIÓ SOBRE EPIDÈMIES

- Irazu Sanz. *Modelos epidemiológicos basados en ecuaciones diferenciales* [https://biblioteca.unirioja.es/tfe_e/TFE002211.pdf]. 2016.
- J. Calero, S. Gil, R. Herruzo y F. Rodríguez. *Fundamentos de Epidemiología*. Ramón Areces; 2007.
- Anderson R, May RM. *Infectious diseases of humans*. Oxford: Oxford University Press; 1991.
- D. De Pereda. *Modelización matemática de la difusión de una epidemia de peste porcina entre granjas*. [<http://www.mat.ucm.es/~ivorra/papers/Diego-Epidemiologia.pdf>], 2010.

INFORMACIÓ SOBRE MODELS EPIDEMIOLÒGICS

- José Manuel Gutiérrez i Juan Luis Varona. *Análisis del Covid-19 por medio de un modelo SEIR*. IMUS, 20 de març de 2020.
- Alex Arenas, Wesley Cota, Jesus Gómez-Gardeñes, Sergio Gomez, Clara Granell, Joan T. Matamalas, David Soriano i Benjamin Steinegge. *A mathematical model for the spatiotemporal epidemic spreading of COVID19*. 20 de març de 2020.
- D. S. Fernández del Viso. *Modelos Mecanísticos Determinísticos con Ecuaciones Diferenciales*. 24 de setembre de 2018. [<https://rpubs.com/dsfernandez/422937>]
- Christian Hubbs. *Social Distancing to Slow the Coronavirus*. 12 de març de 2020.
- O. Diekman, Heesterbeek JAP, Metz J. *On the definition and the computation of the basic reproduction ratio R_0 in models of infectious diseases in heterogeneous populations*. J Math Biol, 1990.
- Ridenhour B, Kowalik JM, Shay DK. *Unraveling R_0 : Considerations for Public Health Applications*. Am J Public Health. 2014

INFORMACIÓ SOBRE LA COVID-19

- RED NACIONAL DE VIGILANCIA EPIDEMIOLÓGICA. *Informe sobre la situación de COVID-19 en España*. 24 de març de 2020.
- Rafael Villanueva i Manuel de León. *“Aplanando la curva”: Matemáticas en los modelos epidemiológicos*. Taula rodona organitzada per el CEFIRE i la Generalitat Valenciana.